COLEÇÕES DESAFIOS PARA O SÉCULO XXI

DIFERENTES OLHARES SOBRE A BIOLOGIA DA CONSERVAÇÃO

Renan Nunes Costa
Marciane Silva Oliveira
Alessandro Marques de Oliveira
(organizadores)

Apesar de sua origem e seu avanço estarem intrincados à ecologia, a biologia da conservação é uma ciência multidisciplinar que se baseia em conceitos e práticas de diversas áreas da biologia, a exemplo da zoologia, taxonomia e genética, assim como em conceitos e práticas de várias áreas do conhecimento diretamente relacionadas ao cenário político, econômico e social em que as espécies estão inseridas. Assim, este livro foi desenvolvido com o objetivo de discutir a biologia da conservação por meio de algumas de suas facetas teórico-metodológicas.

editora UEMG

Diferentes olhares sobre a Biologia da conservação

Renan Nunes Costa
Marciane da Silva Oliveira
Alessandro Marques de Oliveira
(orgs.)

SciELO Books / SciELO Livros / SciELO Libros

COSTA, R. N., OLIVEIRA, M. S., and OLIVIERA, A. M., eds. Diferentes olhares sobre a Biologia da conservação [online]. Belo Horizonte: Editora UEMG, 2023, 264 p. Desafios para o século XXI collection. ISBN: 978-65-86832-26-6. Available from: https://books.scielo.org/id/7tjqn. https://doi.org/10.36704/9786586832266.

All the contents of this work, except where otherwise noted, is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International license.

Todo o conteúdo deste trabalho, exceto quando houver ressalva, é publicado sob a licença Creative Commons Atribição 4.0.

Todo el contenido de esta obra, excepto donde se indique lo contrario, está bajo licencia de la licencia Creative Commons Reconocimento 4.0.

COLEÇÕES DESAFIOS
PARA O SÉCULO XXI

A EdUEMG tem, em suas ações, reafirmado o compromisso com o público leitor de editar e difundir conteúdos de qualidade, sempre preservando seu caráter público e humanista, incentivando o senso crítico por parte dos cidadãos e apoiando a tomada de decisões governamentais.

Nossas **Coleções Desafios para o Século XXI** são textos que reúnem discussões sobre as seguintes temáticas transversais: Biodiversidade, sustentabilidade e mudanças climáticas; Tecnologias digitais e sociedade; e Democracia, intolerância e violência. Cada área foi escolhida por ser um assunto relevante no contexto atual e de fundamental importância para a compreensão dos principais problemas contemporâneos enfrentados pela humanidade.

O livro ***Diferentes olhares sobre a biologia da conservação*** inaugura a temática Biodiversidade, sustentabilidade e mudanças climáticas nas coleções.

UNIVERSIDADE
DO ESTADO DE MINAS GERAIS | UEMG

DIFERENTES OLHARES SOBRE A BIOLOGIA DA CONSERVAÇÃO

Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG)

Lavínia Rosa Rodrigues
Reitora

Thiago Torres Costa Pereira
Vice-reitor

Raoni Bonato da Rocha
Chefe de Gabinete

Silvia Cunha Capanema
Pró-reitora de Planejamento, Gestão e Finanças

Vanesca Korasaki
Pró-reitora de Pesquisa e Pós-graduação

Michelle Gonçalves Rodrigues
Pró-reitora de Graduação

Moacyr Laterza Filho
Pró-reitor de Extensão

Editora da Universidade do Estado de Minas Gerais (EdUEMG)

Conselho Editorial

Thiago Torres Costa Pereira | UEMG

Amanda Tolomelli Brescia | UEMG

Ana Elisa Ribeiro | CEFET-MG

Ana Lúcia Almeida Gazzola | UFMG

Fuad Kyrillos Neto | UFSJ

Moacir Henrique Júnior | UEMG

Ynaê Lopes dos Santos | UFF

Thiago Torres Costa Pereira
Editor-chefe

Gabriella Nair Figueiredo Noronha Pinto
Coordenadora administrativa e editorial

COLEÇÕES DESAFIOS
PARA O SÉCULO XXI

DIFERENTES OLHARES SOBRE A BIOLOGIA DA CONSERVAÇÃO

Renan Nunes Costa
Marciane da Silva Oliveira
Alessandro Marques de Oliveira
(organizadores)

editora UEMG

BELO HORIZONTE, 2023

Expediente

Luiza Cordiviola
Deborah Dietrich
Revisão

Thales Santos
Projeto gráfico

Sofia Carvalho
Diagramação

Este livro foi submetido à avaliação por duplo parecer às cegas, feita por pesquisadores doutores, e à aprovação pelo Conselho Editorial.

Todo o conteúdo deste trabalho, exceto quando houver ressalva, é publicado sob a licença pública Creative Commons 4.0 Atribuição – Não Comercial – Sem Derivações. Direitos desta edição reservados à Editora da Universidade do Estado de Minas Gerais.

Rodovia Papa João Paulo II, 4143. Ed. Minas, 8º andar, Cidade Administrativa, bairro Serra Verde, BH-MG, CEP: 31630-900.

(31) 3916-9080 | e-mail: editora@uemg.br | editora.uemg.br

@EditoraUEMG @editora_uemg EditoraUemg Editora UEMG

D569 Diferentes olhares sobre a Biologia da conservação / Renan Nunes Costa, Marciane Silva Oliveira, Alessandro Marques de Oliveira (Orgs.) [livro eletrônico] – Belo Horizonte : EdUEMG, 2023.
264 p. : il. color (Coleção desafios para o século XXI)

Vários autores
ISBN: 978-65-86832-26-6

1. Conservação biológica. 2. Diversidade biológica – Conservação. 3. Conservação de recursos naturais. I. Costa, Renan Nunes. II. Oliveira, Marciane Silva. III. Oliveira, Alessandro Marques de. IV. Título.

CDD: 578.7

Ficha catalográfica: Flavia Martins Alves Godinho – CRB-6/3653

PREFÁCIO

Falar de ciência para o público geral é sempre um desafio. Alcançar um nível de compreensão satisfatório, então, aumenta a exigência colocada pela régua do saber. Não obstante, um grupo predestinado de cientistas e professores se uniu para lançar um livro sobre a importância de estudar e compreender os fenômenos genéticos à luz da conservação da biodiversidade.

Como se não bastasse o nível elevado que a genética – enquanto ciência – exige, a noção dos princípios básicos da biologia da conservação é ainda mais complexa. Esse tópico, que representa uma ciência relativamente nova, tem sua essência consolidada a partir de diversas áreas do conhecimento. Portanto, o desafio de apresentar essas temáticas com uma linguagem segura e acessível é muito grande.

Felizmente, os autores desta obra conseguiram alcançar esse feito. Ressalto que, à luz da evolução, nada é compreendido sem a noção exata sobre os princípios gerais da genética, particularmente das populações. É a partir dessa área que, feitas as devidas análises, podemos enxergar variações individuais na natureza e compreender, na medida do possível, as oscilações fenotípicas e alélicas, que em última instância moldam os processos evolutivos vigentes.

Como exemplo básico, temos a tentativa de definir o conceito de "biodiversidade". Ao fazê-lo, sempre recorremos ao número total de espécies que habitam nosso planeta. Essa é a noção que as pessoas possuem, e ela está correta. Porém, quando nos aprofundamos no tema, sabemos que a biodiversidade representa muito mais que isso. Ela é, na sua base, a

conjunção de toda a diversidade genética presente em cada conjunto de populações, que, por sua vez, representam a totalidade de uma espécie. Apenas assim podemos chegar ao número total de espécies conhecidas no planeta.

Contudo, essa diversidade genética molda as comunidades biológicas, não somente em termos de composição de espécies, mas nos aspectos essenciais para entender um terceiro nível sobre a biodiversidade: o conjunto de ecossistemas existentes na Terra. A partir daí podemos compreender os fenômenos que moldam nossa biodiversidade atual. Sem essa compreensão detalhada, torna-se progressivamente desafiador exercer uma política correta ou implementar ações congruentes de conservação.

Essa é a grande jogada desta obra: unir os conceitos primários e essenciais para compreender as formas de vida que coexistem, enxergando os pormenores que somente a biologia molecular nos oferece dentro da grande área do conhecimento que é a genética, com os desafios inerentes à proteção da nossa biodiversidade.

É engano achar que seria uma tarefa fácil, mas é essencial melhorar nossa performance perante a sociedade. É fundamental, ainda, levarmos ao grande público noções precisas sobre o conhecimento e movê-lo para um patamar mais ativo na luta pela proteção do nosso maior patrimônio, esse conjunto incrível e único de vida que somente um lugar conhecido até o momento, em todo o universo, possui... Cabe a nós protegermos, ensinarmos e convencermos as

pessoas de que há algo maior e sublime pelo qual devemos zelar, que é o respeito às diferentes espécies que coabitam o planeta Terra.

É exatamente isso que temos neste livro!

Fabiano Rodrigues de Melo
Universidade Federal de Viçosa (UFV)
Departamento de Engenharia Florestal

APRESENTAÇÃO

O livro *Silent Spring* (1962),[1] de Rachel Carson, é considerado um dos principais estopins do pensamento conservacionista, pois trouxe à tona a relação tóxica e desarmônica entre o ser humano e os demais componentes da diversidade biológica. Outros cientistas também foram importantes na construção e no desenvolvimento do pensamento conservacionista. No entanto, foi no clássico artigo "*What is Conservation Biology*" (1985),[2] escrito por Michael Soulé, que a biologia da conservação tomou forma como disciplina. Apesar de sua origem e seu avanço estarem intrincados à ecologia, a biologia da conservação é uma ciência multidisciplinar que se baseia em conceitos e práticas de diferentes áreas da biologia, a exemplo da zoologia, taxonomia e genética, assim como conceitos e práticas de diferentes áreas do conhecimento diretamente relacionadas ao cenário político, econômico e social em que as espécies estão inseridas. Em sua obra, Soulé (1985) também classificou a biologia da conservação como uma "ciência de crise", fazendo referência à velocidade com que os recursos naturais foram e têm sido exauridos, à urgência em proteger a biodiversidade frente às atividades antrópicas e à necessidade constante de diálogo entre biólogos da conservação e tomadores de decisão – em sua maioria, desinteressados quando o assunto é conservação.

Índices alarmantes de declínios populacionais, extinções de espécies e/ou colapso de ecossistemas têm sido documentados em diferentes partes do mundo. A maioria dos países concorda que medidas conservacionistas precisam

1 CARSON, R. L. *Silent spring*. Boston: Houghton Mifflin, 1962.

2 SOULÉ, M. E. What is Conservation Biology? *BioScience*, Uberlândia, MG, v. 35, p. 727-734, 1985.

ser tomadas para conter as ameaças à biodiversidade dentro de seus domínios, assim como a criação de acordos internacionais que visam conter ameaças em caráter global, como mudanças climáticas, perda e fragmentação de hábitats, invasões biológicas e superexploração. Entretanto, alguns países essenciais na tomada de decisões não têm esse entendimento devido ao entrave político mediado por líderes negacionistas. O Brasil, antes considerado um modelo e uma potência ambiental essencial a esse processo de tomada de decisão, esteve no governo presidencial de Jair Bolsonaro (2018-2022) junto à minoria de países que se exclui das responsabilidades ambientais e de acordos internacionais em prol da conservação.

O desmonte ambiental brasileiro ocorre há décadas. Como exemplo, é intuitivo citar o Código Florestal Brasileiro e suas alterações notoriamente em prol do agronegócio e não da conservação. Entretanto, as ações e discursos anti-conservacionistas aumentaram significativamente no cenário político recente. Interesses de setores como o agronegócio têm pressionado fortemente os legisladores com o intuito de reduzir as áreas protegidas e até mesmo extinguir Unidades de Conservação. Manobras políticas afrouxaram leis, sucatearam e reduziram a fiscalização, refletindo em índices históricos de desmatamento em diferentes biomas, com destaque para a Floresta Amazônica. Além disso, agências de fomento à pesquisa – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), entre outras – têm sofrido cortes significativos, que travam e/ou inviabilizam pesquisas em conservação.

Como consequência, as espécies brasileiras experimentam os mais diversos fatores de ameaça, ao mesmo tempo que ecossistemas inteiros são substituídos e/ou degradados, levando à perda de serviços ecossistêmicos de usufruto global.

Nesse contexto, este livro foi desenvolvido com o objetivo de discutir a biologia da conservação em algumas de suas diferentes facetas teórico-metodológicas. Entre as temáticas propostas pelos autores em cada capítulo, foram discutidas as bases que compõem o campo de estudos e apresentadas suas aplicações em estudos de caso envolvendo a conservação da biodiversidade brasileira.

No primeiro capítulo, "Contribuições da ecologia para a biologia da conservação: investigações aplicadas à fauna brasileira", os autores ressaltam a íntima relação da biologia da conservação com as bases teóricas e os avanços da ecologia. São discutidos conceitos teóricos e práticos da ecologia, aplicados a uma conservação estruturada conforme os níveis de organização biológica (espécies, populações, comunidades, ecossistemas, paisagens, biosfera). Os autores focaram exclusivamente em exemplos de aplicações ecológicas voltados à conservação da fauna brasileira, citando estudos desenvolvidos por pesquisadores brasileiros e contemplando pesquisas de nível populacional até macroecológico.

O capítulo seguinte, "Paleobiologia da conservação: lições do passado para a conservação da biodiversidade", está dividido em três grandes tópicos. O primeiro aborda o conceito de paleobiologia da conservação, a vantagem de seu uso nas práticas de conservação e situa o momento em que a

temática começou a ser discutida na comunidade científica. Adicionalmente, são apresentadas duas formas de abordagens em paleobiologia da conservação (*near-time* e *deep-time*). No segundo tópico, são explicados tanto o conceito quanto as categorias de dados geo-históricos. Em adição, é dada uma explanação sobre a tafonomia e sua importância para estudos paleobiológicos. Finalmente, o último tópico aborda estudos de caso, com alguns exemplos da aplicação da paleobiologia em ações de conservação da biodiversidade.

No capítulo 3, "Genética da conservação: diversidade e estrutura genética como estratégias de conservação", os autores discutem as variações genéticas relacionadas ao cariótipo e às sequências de DNA nuclear e organelar, acessadas por técnicas que utilizam marcadores moleculares. Essas abordagens enfatizam o modo como o conhecimento acerca dessas variações tem sido estrategicamente utilizado na tomada de decisões eficazes para o manejo e para a conservação das espécies, sublinhando a relevância da genética da conservação em reunir informações das diferentes áreas da genética para identificar a diversidade e compreender a sua mudança ao longo da evolução. As mudanças genéticas são herdáveis, contribuindo para diferenciar as populações ao longo da distribuição temporal e geográfica, podendo limitar a manutenção e sobrevivência das espécies. Sem esse conhecimento, é possível afirmar que um número sem precedentes de espécies estaria em estado de vulnerabilidade ou até mesmo extinto. Portanto, as perspectivas futuras são de que as tecnologias atuais de sequenciamento amplo do genoma e outras novas que potencialmente surgirão

permitirão o acesso cada vez mais rápido e abrangente às informações genéticas.

No capítulo "Passos para incorporar variáveis espaciais e temporais na genética da conservação", são discutidos os tipos de amostragem e marcadores moleculares e as análises de dados mais utilizados em estudos de genética da conservação, que incorporam variáveis espaciais e/ou temporais. Análises desse tipo são objeto de estudo da genética da paisagem e estão em ascensão por permitirem investigar processos ecológicos e analisar seu funcionamento no mundo real. Entretanto, a maioria dessas pesquisas permanece sem um delineamento amostral padronizado, exibindo amostragens oportunistas. Esse comportamento é tradicionalmente adotado na genética das populações e pode comprometer as análises, gerando resultados equivocados. Para que os resultados das pesquisas genéticas sejam aplicáveis à conservação, as principais mudanças incorporadas são o delineamento amostral explícito e a consideração do efeito de escalas espaciais e temporais sobre a estruturação genética. Para isso, informações sobre o uso de espaço e tempo pela espécie de estudo devem ser previamente reunidas, assim como as falhas dos métodos de estudo, no intuito de evitar erros na interpretação dos resultados e, consequentemente, no planejamento dos programas de conservação.

No capítulo "O cariótipo e o epigenoma na genética da conservação" serão abordados os conceitos e aspectos gerais do cariótipo e do epigenoma, além de situada a sua revelância na diversidade genética e epigenética, e, por conseguinte, na conservação e uso sustentável da diversidade. A genética

da conservação se fundamenta em dados acerca da diversidade genética e epigenética das diferentes espécies eucariotas. Tais diversidades podem ser percebidas, mensuradas e comparadas a partir de dados do cariótipo (citogenética) e do epigenoma (epigenética).

O sexto capítulo, "Conservação de recursos genéticos vegetais", destaca questões relacionadas à importância da conservação de germoplasmas de plantas cultivadas e não cultivadas, levantamento da flora nativa, herborização, identificação e catalogação de espécies, bem como o avanço das plataformas digitais para a sistematização dessas informações por meio de herbários virtuais e ferramentas digitais voltadas à produção de inventários botânicos. Também são apresentados conceitos gerais relacionados às estratégias de conservação *in situ* e *ex situ*, caracterização e uso dos recursos genéticos vegetais.

O penúltimo capítulo, "Cultivo *in vitro* de plantas aplicado à conservação de recursos genéticos", aborda conceitos básicos de cultura de tecidos vegetais e como essa ferramenta pode ser usada como estratégia para a conservação dos recursos genéticos vegetais, principalmente para espécies em que a conservação de germoplasma por meio de banco de sementes é impraticável.

Por fim, no capítulo "Entre impactos e iniciativas para conservação, como estão as abelhas brasileiras?", os autores abordam as principais ameaças às abelhas e como estão distribuídas as iniciativas de conservação das espécies brasileiras. Sabe-se que as abelhas são os principais polinizadores

e que os serviços ecossistêmicos prestados por elas são imensuráveis. No entanto, têm surgido muitos relatos sobre o desaparecimento desses insetos polinizadores, e sua conservação tem merecido especial destaque.

Já que a biologia da conservação é multidisciplinar, é importante destacar que este livro não chega perto de esgotar o tema (como se busca em alguns livros didáticos), uma vez que esse não foi o objetivo. Apresentamos ao leitor diferentes olhares sobre a biologia da conservação no Brasil conforme as temáticas selecionadas, considerando que se trata de uma disciplina em constante construção.

Por fim, os organizadores e autores agradecem as bolsas produtividade concedidas pela UEMG, sem as quais não seria possível se dedicarem à elaboração deste livro como o fizeram. Os autores são pesquisadores produtividade da UEMG (PQ/UEMG), contemplados pelos editais 01/2021, 08/2021, 02/2022 e 10/2022.

Boa leitura!

Renan Nunes Costa

Organizador

SUMÁRIO

Capítulo 1 – Contribuições da ecologia para a biologia da conservação: investigações aplicadas à fauna brasileira **19**
Rodrigo de Mello
Renan Nunes Costa

Capítulo 2 – Paleobiologia da conservação: lições do passado para conservação da biodiversidade **69**
Alessandro Marques de Oliveira

Capítulo 3 – Genética da conservação: diversidade e estrutura genética como estratégias de conservação **97**
Adelson Lemes da Silva Júnior
Marciane da Silva Oliveira
Wellington Ronildo Clarindo

Capítulo 4 – Passos para incorporar variáveis espaciais e temporais na genética da conservação **129**
Andreia Magro Moraes
Marciane da Silva Oliveira

Capítulo 5 – O cariótipo e o epigenoma na genética da conservação **157**
Wellington Ronildo Clarindo
Adelson Lemes da Silva Júnior
Marciane da Silva Oliveira

Capítulo 6 – Conservação de recursos genéticos vegetais **177**
Francis Julio Fagundes Lopes
Marlene Pires Moreira
Livia Cristina da Silva
Jheniffer Abeldt Christ

Capítulo 7 – Cultivo *in vitro* de plantas aplicado à conservação de recursos genéticos **209**
Marlene Pires Moreira
Francis Julio Fagundes Lopes
Livia Cristina da Silva

Capítulo 8 – Entre impactos e iniciativas para conservação, como estão as abelhas brasileiras? **237**
Cristiane Marques Santos
Patrícia Marques Santos
Ríudo de Paiva Ferreira

Sobre os(as) autores(as) **257**

CAPÍTULO 1

Contribuições da ecologia para a biologia da conservação: investigações aplicadas à fauna brasileira

Rodrigo de Mello

Renan Nunes Costa

Introdução

A biologia da conservação surgiu e se emancipou como uma síntese de diferentes disciplinas pensadas de maneira multidisciplinar e focadas na mitigação e redução das ameaças antrópicas sobre as espécies e ecossistemas (PRIMACK; RODRIGUES, 2001; GRELLE et al., 2009). Entretanto, apesar de seu caráter multidisciplinar, é inegável que a ecologia foi e ainda é a ciência base para o surgimento de novas métricas e aplicações na biologia da conservação. De maneira geral, as teorias e práticas ecológicas procuram responder a questões aparentemente simples: "Onde estão os organismos? Quantos indivíduos ocorrem nos ambientes? Por que eles estão lá?". Mesmo com a robustez da ecologia moderna, em certos casos ainda há limitações teóricas e metodológicas que dificultam o desenvolvimento de respostas satisfatórias a esses questionamentos. Assim, a partir do conhecimento que os ecólogos fornecem em seus estudos do mundo natural, mesmo com limitações, estamos em uma posição melhor que nas décadas anteriores para desenvolver políticas efetivas para gerenciar os problemas ambientais relacionados a terra, água, catástrofes naturais e saúde pública.

Os princípios e avanços das teorias ecológicas nos propiciaram entendimento sobre a dinâmica da natureza e sobre como os nossos impactos podem afetar os seus componentes, isto é, fauna, flora e ecossistemas. Por meio do entendimento de processos básicos relacionados ao controle natural de populações, relações entre as espécies, estruturação de comunidades frente à variação de fatores abióticos – como água, luz, nutrientes etc. –, distribuição espacial e temporal dos organismos, entre outros, as teorias e práticas ecológicas

conseguem apontar as medidas necessárias para conservar espécies e ecossistemas mediante os interesses sociais, políticos e econômicos dos países (RICKLEFS; RELYEA, 2016). Por ser uma disciplina cujo entendimento tem caráter transitório, nunca completo ou absoluto, a ecologia voltada à conservação da biodiversidade é sempre lapidada à medida que novas descobertas acontecem, variando em função da demanda da sociedade.

Na busca pelo entendimento integral dos fenômenos, a filosofia da ciência pode utilizar abordagens mais holísticas, que tendem a uma visão mais global, assim como abordagens reducionistas, que estudam detalhes em componentes cada vez menores. Como toda ciência, a ecologia adota subdivisões de seu objeto de estudo, a natureza. As subdivisões na ecologia são baseadas na teoria dos sistemas, na qual um sistema é formado por um conjunto de elementos que se unem por meio de propriedades interativas e formam um todo maior e unificado. Nesse sentido, os elementos que formam o sistema ecológico são chamados de níveis de organização biológica ou níveis hierárquicos, conforme explicitado na Figura 1, e representam unidades fundamentais adotadas por ecólogos (ERONEN, 2014). Apesar de serem entendidos de maneira hierárquica e formarem um sistema, é possível modelar e mensurar variáveis dentro de um nível qualquer, independentemente de avaliações mensuradas em outro, e respostas adquiridas em qualquer nível que permeiam a explicação de fenômenos observados em outros níveis e contribuem para o entendimento do sistema como um todo. Essa mesma lógica de organização é amplamente utilizada na biologia da conservação para delinear pesquisas e estratégias aplicáveis.

A figura a seguir apresenta a hierarquia organizacional nos sistemas ecológicos. Em cada nível de complexidade, são especificados exemplos de entradas (setas hachuradas) e saídas (setas cinzas) de energia, exceto para a biosfera, em que se destacam a "entrada" de serviços ecossistêmicos e a "saída" de padrões ecológicos globais.

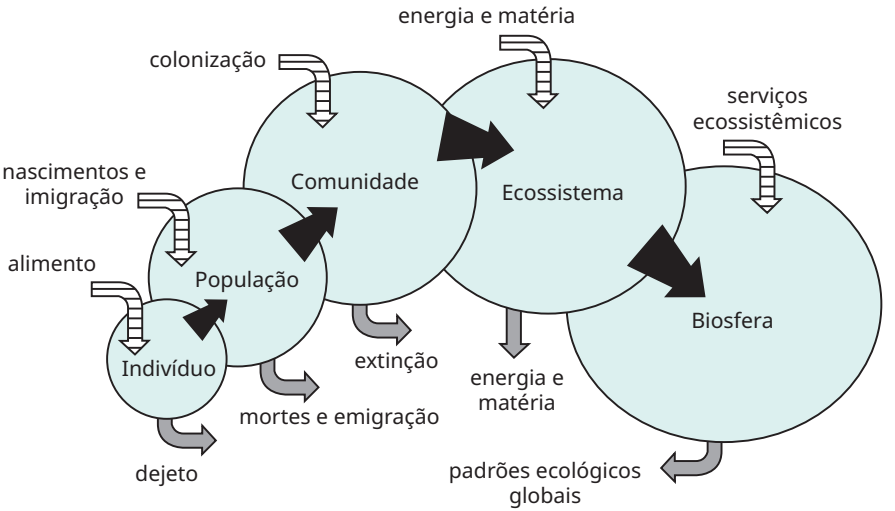


Figura 1: Hierarquia de organização nos sistemas ecológicos

Fonte: elaborada pelos autores.

Pensando nesse sistema de organização biológica, apresentamos neste capítulo conceitos e definições teóricas da ecologia aplicadas à conservação. Dedicamo-nos a relatar, exclusivamente, exemplos de investigações aplicadas em prol da conservação da fauna brasileira. Tratamos de algumas teorias que contemplam desde estudos populacionais até os macroecológicos, que visam entender padrões globais

e aplicá-los à conservação. Assim, destacamos o quão intimamente ligado o avanço da biologia da conservação está ao da ecologia teórica e aplicada. Seguindo essa organização, a ecologia aplicada à conservação caminhou e contribuiu para o entendimento dos impactos antrópicos sobre a biodiversidade.

Espécies e suas populações

O termo "população" é utilizado para denotar grupos de indivíduos de uma única espécie, que vivem em determinada área e cujos membros interagem uns com os outros (CAIN et al., 2018). Assim como observado em outros sistemas ecológicos complexos, é difícil prever e controlar os efeitos de uma população sobre os demais níveis. Um organismo individual, por exemplo, não sobrevive muito tempo sem a sua população, assim como um órgão humano não sobrevive como unidade autoperpetuante sem o organismo do qual faz parte. Devido ao contexto brasileiro, marcado pela riqueza de espécies e pobreza de capital, o "ideal" seria adotar estratégias de conservação no âmbito de comunidades. Porém, certas espécies são altamente suscetíveis ao impacto humano e exigem cuidados especiais, destacando a importância de aplicações em espécies e suas populações.

O conhecimento sobre a história natural é essencial para o delineamento de estratégias de manejo e conservação de populações, pois as espécies apresentam características que as tornam mais ou menos vulneráveis à extinção. Em geral, espécies endêmicas, raras ou que apresentam populações pequenas e em rápido declínio são ameaçadas de extinção,

e, por isso, são prioritárias para ações conservacionistas. Nesse sentido, uma série de questões precisa ser respondida frente aos fatores que ameaçam as espécies em perigo, objetivando manter uma População Mínima Viável (PMV) que assegure sua sobrevivência (SHAFFER, 1981). Quais medidas devemos tomar para manejar espécies vulneráveis à caça? Essas estratégias devem ser diferentes ou iguais quando aplicadas para espécies que sofrem mais atropelamentos ou que são mais traficadas? Quais fragmentos florestais devem ser priorizados para conservar espécies de aves frugívoras ou mamíferos dispersores de sementes? De acordo com Cain e demais autores (2018), questões dessa natureza surgem em praticamente todas as espécies de preocupação conservacionista, e os modelos demográficos quantitativos oferecem ferramentas para respondê-las e passíveis de elucidar áreas prioritárias para a conservação e o manejo de espécies ameaçadas. Por exemplo, áreas prioritárias para a conservação do muriqui-do-norte (*Brachyteles hypoxanthus*) e muriqui-do-sul (*B. arachnoides*), ambos criticamente ameaçados de extinção (FERRAZ et al., 2019; TALEBI et al., 2019), foram sugeridas por Strier e demais autores (2017) com base em variáveis como tamanho populacional, singularidade genética e importância geográfica das populações. Já para *B. hypoxanthus*, Strier e demais autores (2019) utilizaram dados demográficos e discutiram o efeito da febre amarela sobre populações da espécie, ressaltando que estudos demográficos ajudam a avaliar o potencial negativo de uma zoonose sobre pequenas populações.

Entre os modelos demográficos, a Análise de Viabilidade Populacional (AVP), proposta por Soulé (1987), é uma

ferramenta de modelagem que utiliza parâmetros populacionais no presente e permite aos ecólogos estimar o tamanho de uma população ou sua chance de ser extinta no futuro. Ela contribui para a avaliação dos riscos de extinção e com opções de gestão e estratégias de manejo para populações de espécies raras ou ameaçadas (MORRIS; DOAK, 2002). A AVP é uma ferramenta que possibilita identificar os ciclos de vida mais vulneráveis, a determinação de quantos animais devem ser inseridos em um ambiente (soltura, introdução e/ou reintrodução) para assegurar o estabelecimento de novas populações ou a determinação da quantidade segura de animais a serem coletados (tamanho amostral) em um estudo populacional (BEISSINGER; WESTPHAL, 1998; CAIN et al., 2018). Ela também pode ser empregada, por exemplo, para avaliar a configuração espacial de rodovias, que podem causar sérias consequências ecológicas para muitas espécies, principalmente devido à fragmentação e consequente mortalidade de indivíduos que atravessam no entorno de áreas nativas. Pinto e demais autores (2018) analisaram o efeito negativo da fragmentação em populações de tamanduás-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*), espécie listada como vulnerável (BRASIL, 2022), e identificaram áreas críticas para a sua persistência no Brasil. Ao considerar as taxas de atropelamento e a razão sexual das populações de *M. tridactyla* para calibrar os modelos de AVP, Desbiez e demais autores (2020) concluíram que esses parâmetros são essenciais para entendermos o impacto das estradas sobre espécies poligínicas (quando o macho possui mais de uma parceira sexual), como é o caso do tamanduá-bandeira. Estudos como esses são essenciais e têm implicações diretas para a tomada de decisões por parte de cientistas, gestores, empreendedores e agências

de estradas, encarregadas de planejar as rodovias de modo a reduzir seus impactos sobre a fauna brasileira.

Ao combinarem diferentes ferramentas de modelagem para identificar áreas prioritárias na Mata Atlântica para a conservação do mutum-de-bico-vermelho (*Crax blumenbachii*), uma ave frugívora de grande porte ameaçada de extinção (BRASIL, 2022), Bonfim e demais autores (2019) utilizaram a AVP para determinar o tamanho mínimo viável da população em diferentes cenários de caça, além do tamanho mínimo crítico de área de floresta necessária para manter populações viáveis. No melhor cenário, os autores observaram que 56 indivíduos seriam suficientes para manter uma população viável, ao passo que 71 áreas de floresta localizadas dentro da faixa de ocorrência da espécie foram prioritárias para sua conservação. Por fim, os autores incentivam biólogos da conservação e administradores da terra a combinar ferramentas de modelagem para guiar a estrutura do planejamento em conservação.

Outros grupos taxonômicos com menor capacidade de dispersão quando comparados às aves também foram avaliados por análises de AVP. Conforme observado por Da Silva e demais autores (2016), a perda de hábitat, a caça (retirada de adultos) e o comércio ilegal para uso como animal de estimação (retirada de filhotes) influenciam a persistência populacional a longo prazo do macaco-prego-do-peito-amarelo (*Sapajus xanthosternos*), um dos primatas brasileiros categorizados como ameaçados de extinção (BRASIL, 2022). Os resultados indicam que a caça tem um impacto maior na viabilidade da população em comparação às ameaças do comércio ilegal para uso como animal de estimação. Além

disso, observaram que a pressão de caça tende a levar mais rapidamente à extinção local de populações que habitam fragmentos florestais menores. Sob a perspectiva legal, os autores sugerem um aumento da fiscalização e da aplicação de legislações ambientais vigentes para impedir a caça e captura desses primatas, especialmente em fragmentos florestais maiores.

Em geral, as estratégias de manejo se baseiam na capacidade de prever em quais condições as espécies prosperarão e quais fatores poderão colocá-las em risco de extinção. Por isso, o conhecimento do nicho ecológico das espécies fornece um fundamento essencial para que os esforços direcionados ao manejo e à conservação sejam eficazmente planejados e implementados. Nesse sentido, muitas abordagens que contribuem para a conservação de espécies e suas populações incluem a modelagem de nicho ecológico (Ecological Niche Modelling, ou ENM, na sigla em inglês). Esses modelos trabalham com base no clássico conceito de nicho ecológico, definido por Hutchinson (1957, 1965) como as maneiras pelas quais a tolerância e a necessidade interagem na definição de um hipervolume n-dimensional de condições e recursos necessários para uma espécie cumprir seu modo de vida. Com a modelagem, é possível correlacionar as condições ambientais (do presente e projeções para o passado e/ou futuro) com os requerimentos ecológicos adequados a uma espécie em um determinado hábitat.

A modelagem tem sido uma ferramenta eficiente e útil para extrapolar os dados sobre a distribuição potencial das espécies no espaço e no tempo, baseada em modelos estatísticos

que usam diferentes tipos de algoritmos, tornando-se importante quando aplicada à biologia da conservação (FLANKLIN, 2009). Os algoritmos usados na modelagem de nicho tentam encontrar relações não aleatórias entre os dados de ocorrência da espécie e os dados ecológico-ambientais relevantes para sua sobrevivência, como temperatura, precipitação, topografia, tipo de solo, cobertura vegetal, entre outros. Geralmente, os modelos são aplicados em uma abordagem de envelopes climáticos[1] e é avaliado se o nicho climático ocupado por uma espécie continuará, ou não, a existir na distribuição geográfica atual (PETERSON et al., 2011). Por exemplo, ao aplicar ENMs em populações do mico-leão-da-cara-dourada (*Leontopithecus chrysomelas*) e do Sagui-de-Wied (*Callithrix kuhlii*), Guy e demais autores (2016) observaram a quantidade de áreas adequadas para sobrevivência e qual porcentagem dessas áreas adequadas era protegida. Nesse sentido, os ENMs representam uma ferramenta importante, que nos fornece informações para o delineamento de potenciais ações de manejo em espécies ameaçadas. Embora uma parte significativa dos modelos de nicho seja empregada para espécies e suas populações, ela será explorada e exemplificada nos tópicos seguintes.

Comunidades e ecossistemas

Da mesma forma que uma população não se sustenta se não houver a manutenção do número de indivíduos, a

1 Os envelopes climáticos são a associação entre a distribuição atual de cada espécie e as várias características climáticas desse local e correspondem às condições em que as populações de determinada espécie interagem com seus inimigos naturais e competidores.

comunidade não consegue existir sem a ciclagem de materiais e o fluxo de energia do ecossistema. Uma comunidade, no sentido ecológico, é uma associação de populações de diferentes espécies que interagem e vivem em uma mesma área (CAIN et al., 2018). "Biocenose" e "biogeocenose" (que significam, literalmente, "vida e terra funcionando juntos"), são termos frequentemente usados na literatura europeia e russa, e equivalem à comunidade e ao ecossistema, respectivamente (ODUM; BARRET, 2011). Ao reconhecer que comunidades biológicas são dependentes do fluxo de energia e da ciclagem de matéria dos ecossistemas que vivem, na década de 1930, o ecólogo e botânico inglês Arthur Tansley deu o nome de "ecossistemas" aos conjuntos formados pelas comunidades bióticas que interagem com as variáveis abióticas (não vivas) em que estão inseridas. Portanto, a partir da ecologia de ecossistemas, podemos estudar como o fluxo de energia e a ciclagem de matéria influem nos ecossistemas, permitindo caracterizar sua estrutura e seu funcionamento.

Assim como acontece em populações, quando se trata das comunidades, os ecólogos da conservação estão preocupados em entender e mensurar os impactos atuais e futuros dos diferentes fatores de ameaça sobre a distribuição das espécies que compõem tais grupamentos. Nesse sentido, o processo de modelagem de nicho ecológico consiste em converter dados primários de ocorrência das espécies que formam as comunidades em mapas de distribuição geográfica, indicando a provável presença ou ausência das espécies num cenário futuro por meio da aplicação de algoritmos matemáticos. Por exemplo, a predição dos efeitos das mudanças climáticas na configuração geográfica das espécies

e as aplicações dessa abordagem em esforços conservacionistas são frequentemente baseadas no mapeamento de áreas climaticamente adequadas para sua ocorrência no futuro. Essa lógica é similar às investigações da distribuição histórica das comunidades. São os refúgios pleistocênicos, conforme apresentado por Carnaval e demais autores (2009), mas seu caráter temporal é inverso. Por meio da modelagem relativa a comunidades, os ecólogos da conservação fornecem informações essenciais para definir áreas prioritárias de conservação.

Utilizando modelagem para avaliar a eficácia das áreas protegidas da Amazônia no amortecimento dos efeitos das mudanças climáticas em mamíferos, Ribeiro e demais autores (2016) identificaram a probabilidade de que 85% das espécies analisadas fossem expostas a condições climáticas estressantes até o ano de 2017 na maioria das áreas analisadas. Essa porcentagem é ainda mais alta para mamíferos endêmicos. No caso dos mamíferos da Amazônia, as espécies do oeste e do norte do bioma apresentavam a maior probabilidade de sofrerem com o aumento da temperatura, enquanto as espécies do nordeste seriam mais afetadas pela anormalidade das chuvas. No geral, os resultados indicaram que os mamíferos enfrentariam alta exposição às mudanças climáticas e que as áreas protegidas provavelmente não seriam suficientemente eficientes para evitar esses impactos (RIBEIRO et al., 2016).

Hoje sabemos, por exemplo, que a extinção de uma espécie sem parentes filogeneticamente próximos em uma comunidade tende a levar a uma perda ainda maior de informação genética do que a extinção de uma espécie com parentes

filogeneticamente próximos. De maneira similar, perder espécies funcionalmente únicas na comunidade é mais prejudicial ao ecossistema do que perder espécies funcionalmente redundantes. Por isso, priorizar comunidades que abrigam táxons que representam uma maior diversidade filogenética e funcional é uma estratégia cada vez mais comum na biologia da conservação, uma vez que resguarda a variabilidade genética das espécies (das que mantêm um maior potencial adaptativo frente às mudanças no ambiente) e garante a realização de funções ecossistêmicas. Em uma revisão sobre o uso das diversidades filogenética e funcional em estudos conservacionistas, Cianciaruso e demais autores (2009) ressaltam que a premissa principal da abordagem de comunidades é que, geralmente, a diversidade é maior em uma comunidade em que as espécies são filogeneticamente mais distintas, graças à diminuição da probabilidade de exclusão competitiva entre espécies funcionalmente similares. Assim, para elencarmos critérios de priorização de áreas protegidas, já que os recursos são sempre limitados, devemos eleger áreas para conservação que abriguem uma maior diversidade de espécies provindas de diferentes grupos taxonômicos, e, assim, garantir uma maior diversidade filogenética, funcional e de tipos de hábitats.

Em um trabalho de 2020, realizado com uma abordagem inédita de modelagem de nicho e "endemismo" filogenético para o Cerrado a fim de identificar áreas prioritárias, Fenker e demais autores (2020) utilizaram dados combinados de distribuição geográfica com filogenias baseada no DNA mitocondrial de lagartos do Cerrado para mapear, além da riqueza de espécies, a diversidade filogenética e funcional e

o grau de endemismo filogenético das espécies investigadas. A região central do Cerrado, por exemplo, que é um planalto vasto e climaticamente estável, destaca-se como importante em todas as métricas de diversidade. Incluindo as relações evolutivas na avaliação da biodiversidade, os autores detectaram padrões espaciais com alta concentração de diversidade, em que as áreas com os maiores índices, embora cubram menos de 10% de áreas protegidas no Cerrado, detêm 11,64% do endemismo filogenético de lagartos do bioma. Tanto regiões estáveis, como a Chapada dos Veadeiros e a Serra do Espinhaço, quanto as ambientalmente heterogêneas, a exemplo dos vales do Araguaia e Tocantins, são identificadas como pontos críticos da diversidade evolutiva das espécies analisadas (66 táxons) no estudo. Assim, a criação de novas áreas protegidas e/ou a ampliação das já existentes para abrigar esses territórios é de extrema relevância para a conservação e sobrevivência da rica e endêmica fauna de lagartos do Cerrado.

A conservação de comunidades é essencial para a manutenção das interações interespecíficas e para o consequente fluxo de energia nos ecossistemas. No último parágrafo de *A Origem das Espécies* (1859), Charles Darwin chamou atenção para as redes de interações que existem na natureza. Ao observar uma área em que ele classificou como colina emaranhada, o cientista percebeu que diversas formas de vida, mesmo tão diferentes umas das outras, como plantas, aves e insetos, interagem e são fortemente interligadas e dependentes entre si. Essa perspectiva pode ser considerada a base da chamada teoria de redes complexas de interações ecológicas (ANAND et al., 2010). Sabemos que, nas

comunidades, as espécies interagem com outras de maneira antagônica ou mutualística. Um exemplo clássico de interação antagônica é a relação entre predadores e presas, na qual uma das espécies prejudica a outra visando à obtenção de recurso energético. Por outro lado, um caso paradigmático de interação mutualística é a interação entre plantas e polinizadores, na qual ambos são favorecidos e aumentam suas chances de sobrevivência e reprodução. A abordagem de redes ecológicas considera que essas interações entre pares estão associadas e influenciam um conjunto muito maior de espécies envolvidas em outras interações, formando as redes complexas de interação (BASCOMPTE, 2007; MELLO, 2016).

Ao analisar uma rede complexa de interações, é possível identificar, dentro de um conjunto de elementos, a estrutura geral da rede e até mesmo características próprias de um único ponto (uma espécie qualquer). Também é possível observar a espécie com maior ou menor número de interações, as espécies mais importantes na estruturação das redes e suas características. Também podemos identificar sobreposição ou partição na dieta de espécies de clados diferentes, como aves e morcegos, e mensurar a contribuição de cada uma nos processos de dispersão e polinização. Em uma abordagem mais recente, conhecida como rede multicamada, podem-se identificar e mensurar duas espécies que se conectam por dois ou mais tipos de interação, retratando padrões muito mais parecidos com os encontrados na natureza (MELLO, 2016). Por exemplo, Genrich e demais autores (2017) observaram que roedores e marsupiais podem dispersar ou destruir sementes ao mesmo tempo, contribuindo positiva e negativamente para a sobrevivência de algumas espécies de plantas

que ocorrem numa área transicional entre Mata Atlântica e Cerrado no estado de Minas Gerais. Nesse sentido, a análise de redes nos permite entender quais são as espécies responsáveis e como elas colaboram nos processos naturais de sucessão ecológica, assim como no delineamento de estudos que envolvem a restauração ecológica.

Quanto à aplicabilidade em estudos voltados para a conservação, as diferentes análises de redes ecológicas complexas permitem entender o que aconteceria com a rede como um todo se uma ou mais espécies fossem extintas, se uma espécie exótica invasora fosse inserida na rede, se um hábitat fosse degradado ou fragmentado, entre outros tipos de estresse de origem antrópica. Além disso, podem contribuir diretamente para a avaliação dos impactos da perda de um determinado grupo de espécies (sejam elas espécies ameaçadas de extinção, espécies-chave ou espécies comuns de hábito generalista) sobre outras espécies, as comunidades e os ecossistemas como um todo. Essa abordagem foi utilizada por Vidal e demais autores (2019), que estimaram que uma sequência de extinções causadas pela perda de hábitat pode levar ao colapso das redes de interação planta-frugívoros da Mata Atlântica. Segundo os autores, a rede de interações muda drasticamente quando a cobertura florestal é reduzida abaixo de 40% da paisagem, e é necessário conservar valores acima dessa porcentagem para manter a organização básica das redes de interação planta-frugívoros. Nesse caminho, a abordagem de redes pode ser utilizada como ferramenta na definição de áreas prioritárias para a conservação, uma vez que consegue apontar localidades que apresentam redes ecológicas robustas e/ou com elementos fortemente

dependentes entre si e que desempenham uma série de funções ecossistêmicas.

As análises de redes ecológicas complexas também podem ser aplicadas para avaliar o impacto causado pela defaunação. Embora o termo "defaunação" tenha sido originalmente cunhado para mamíferos florestais de médio e grande porte, é inevitavelmente intuitivo entender esse conceito para outros grupos taxonômicos. Nesse caso, a defaunação é definida como a acentuada redução na abundância de espécies animais em sistemas ecológicos. Com ela, uma série de processos ecológicos chave podem ser perdidos, como a polinização, dispersão, predação e herbivoria. Biologicamente, as consequências da defaunação atingem escalas que variam desde manchas de hábitats até todo o planeta, sendo um dos principais responsáveis pelas mudanças ecológicas globais (DIRZO et al., 2014).

Muitos efeitos ecológicos e evolutivos causados pela defaunação foram discutidos nos trabalhos de Dirzo e demais autores (2014) e Galetti e Dirzo (2013). Em ambos, observa-se que as implicações biológicas da defaunação são múltiplas e podem ocorrer nas mais variadas escalas, com efeitos ao nível local, regional, de paisagem, ecossistêmico e global. Entre os efeitos, o mais agravante está associado à perda de interações entre espécies dentro das comunidades. Essa ausência e/ou quebra no fluxo de interação entre as espécies é o principal *driver* dos chamados efeitos em cascata. Os efeitos em cascata são causados por uma perturbação que se propaga através dos sistemas, atingindo não só as espécies que interagem diretamente com a que sofreu a perturbação,

mas potencialmente outras espécies dentro do sistema. Por exemplo, na Mata Atlântica brasileira, Culot e demais autores (2013) descreveram mudanças nas assembleias de besouros em função de um gradiente de defaunação de mamíferos. Os resultados demonstram que as mudanças na biomassa e composição de mamíferos nas comunidades levaram a alterações nas assembleias de besouros, que, por sua vez, podem ter consequências em cascata para o ecossistema.

Efeitos em cascata, em que uma perturbação atinge diferentes níveis tróficos, são denominados "cascata trófica". O entendimento sobre cascatas tróficas nos permite avaliar diferentes impactos antrópicos sobre as comunidades, a exemplo dos impactos causados por espécies exóticas invasoras. Em um estudo desenvolvido em lagos no estado de Minas Gerais, Pinto-Coelho e demais autores (2008) demonstraram que a introdução da piranha vermelha (*Pygocentrus nattereri*) e do tucunaré (*Cichla ocellaris*), dois vorazes predadores, levou não apenas à queda significativa da diversidade de espécies de peixes nativos, mas gerou mudanças na composição das espécies de fitoplâncton. Os autores também observaram que muitas espécies de zooplâncton deixaram de ser registradas e que houve um aumento na abundância de alguns invertebrados predadores.

Vale lembrar que os efeitos sobre as cascatas tróficas podem ocorrer em dois sentidos. Em uma comunidade com três níveis tróficos, o efeito da defaunação pode partir do nível trófico mais alto, em que a retirada de predadores de topo (como um felino carnívoro) leva a um aumento da abundância dos consumidores (nesse caso, um roedor) e a

uma consequente redução da abundância dos produtores (a exemplo de sementes consumidas pelos roedores). Esse efeito é chamado de *top-down*, ou seja, de cima para baixo. Por outro lado, os predadores de topo podem ser sujeitos ao efeito *bottom-up*, isto é, de baixo para cima. Com base na mesma comunidade com três níveis tróficos, a defaunação pode retirar ou reduzir a abundância dos roedores, levando a uma diminuição na abundância do felino carnívoro e, consequentemente, ao aumento na abundância dos consumidores. Considerando a complexidade das redes ecológicas de interação, os efeitos *top-down* e *bottom-up* podem se alternar em função do nível trófico analisado (RICKLEFS; RELYEA, 2016).

Além de cascatas tróficas, trabalhos teóricos e empíricos relatam outros tipos de efeitos em cascata, como as coextinções. Na coextinção, a extinção de uma espécie leva à subsequente extinção de outras que dependem diretamente da que foi extinta. Nesse cenário, a defaunação acarreta a redução do número de espécies e a consequente redução na diversidade filogenética e funcional dos ambientes. Como consequência, a fauna local passa a ser mais homogênea, com uma redução significativa das funções ecossistêmicas, especialmente a dispersão de sementes. Por exemplo, mamíferos de médio e grande porte são responsáveis diretos pela dispersão de sementes de árvores tropicais de grande porte. Como ressaltado por Bello e demais autores (2015), essa ausência de dispersão por parte dos vertebrados de médio e grande porte pode colaborar de maneira significativa para a extinção ou redução da riqueza e abundância das espécies de plantas tropicais de grande porte, reduzindo o estoque de carbono realizado por elas. Num ambiente defaunado composto por

espécies homogêneas filogenética e funcionalmente, grande parte das interações ecológicas antagônicas e/ou mutualistas é perdida. Espécies-chave para o funcionamento de um ecossistema, como os predadores de topo, passam a não ter mais condições de manter suas funções ecossistêmicas, levando a uma quebra das redes complexas de interação que giram em torno dela. Dessa forma, a defaunação e os consequentes efeitos em cascata afetam a dinâmica, a estrutura e o funcionamento dos ecossistemas.

Como discutido anteriormente, os diferentes processos que ocorrem no âmbito das comunidades afetam potencialmente o ecossistema do qual fazem parte. Considerando que comunidades compõem ecossistemas dinâmicos, o ciclo de matéria e energia pode ser pensado como um movimento entre compartimentos dos ecossistemas. Em todos os ciclos, observa-se que, independentemente do caminho, a matéria passa por diferentes compartimentos, os quais apresentam diferentes configurações biológicas e físico-químicas que afetam o destino da matéria e, consequentemente, alteram o funcionamento dos ecossistemas. Nesse sentido, Bustamante e demais autores (2018) discutem o papel relevante da comunidade científica nas decisões sobre as emissões de gases produzidos por atividades antropogênicas e na proposição de ações para enfrentar os desafios científicos envolvidos no monitoramento de estoques de carbono e mudanças no uso da terra de biomas brasileiros. O desenvolvimento e aplicação de políticas públicas devem contabilizar esse tipo de serviço ecossistêmico na tomada de decisões que visam à conservação da biodiversidade. Isso se justifica porque áreas nativas, que contêm estoques de carbono em diferentes

compartimentos da matéria orgânica – tanto abaixo quanto acima do solo –, contribuem muito mais para o sequestro de carbono do que áreas com plantios de monoculturas, além de serem regiões que abrigam maior diversidade (FERREIRA et al., 2016).

Püttker e demais autores (2020), discutindo como a perda de hábitat tem efeitos na riqueza de espécies, descrevem os diferentes graus de fragmentação e sua variação entre hábitats distintos. Os autores utilizaram um banco de dados com diversas estimativas de riqueza de espécies para mais de mil localidades da Mata Atlântica brasileira. De acordo com seus resultados, a fragmentação de hábitat tem impactos negativos na riqueza de espécies animais. Em outro exemplo, ao considerar as possíveis relações causais entre precipitação, produtividade e heterogeneidade de hábitats, Gouveia e demais autores (2014) utilizaram essas variáveis ambientais para avaliar o padrão de riqueza de espécies de primatas e sua correlação com a distribuição de florestas. Como muitas das áreas com maiores índices de riqueza de primatas identificadas pelos autores estão na Amazônia brasileira, um melhor entendimento sobre a complexidade de hábitats da região pode apoiar previsões do impacto da remoção florestal na riqueza de espécies de primatas do bioma.

A ciência vem demonstrando empiricamente o que algumas teorias ecológicas têm proposto ao longo das décadas: ecossistemas com um número maior de espécies fornecem maior quantidade ou qualidade de serviços ecossistêmicos (DE GROOT et al. 2010), além de se recuperarem mais rapidamente após distúrbios, ou seja, comunidades e ecossistemas

mais diversos são mais resilientes e mais resistentes (HOBBS et al., 2009). A literatura especializada tem revelado que, quanto maior a riqueza de espécies, maior é a capacidade de restauração de ecossistemas e comunidades, tanto em ambientes terrestres quanto aquáticos (DOWNING; LEIBOLD, 2010; WILLIS et al., 2018), o que tem implicações radicais para a restauração de ambientes degradados (TRUBINA, 2008) e para a manutenção de funções e serviços ecossistêmicos mais amplos e diversificados, conforme a biodiversidade aumenta (OLIVER et al., 2015). Essa relação é especialmente importante em ecossistemas de diversos biomas brasileiros, em que a diversidade de espécies e o endemismo são altos.

Entender a dinâmica das comunidades e o funcionamento dos ecossistemas a serem conservados é essencial para a restauração ecológica de áreas já degradadas pela ação humana. Para a restauração ecológica, é necessário ter e conhecer um ou mais ecossistemas de referência, e, se possível, espacialmente próximos, para que sejam utilizados como modelo. Na ausência de opções espacialmente próximas, o ecossistema modelo pode ser estabelecido por meio de uma combinação do conhecimento da sua estrutura anterior com o conhecimento de ecossistemas similares intactos, além do uso de informações culturais e históricas. Com base nesse modelo, é possível estabelecer metas a serem atingidas, como um número aproximado de espécies, a presença de espécies-chave e também daquelas que afetam ou regem a dinâmica florestal. Dessa forma, o monitoramento de alguns atributos-chave utilizados como indicadores é essencial para a compreensão da efetividade da restauração quando comparada ao ecossistema de referência.

De maneira geral, um ecossistema restaurado deve:

1. Conter um conjunto de espécies similar ao do ecossistema de referência;
2. Não conter ou ter sob controle o número de espécies invasoras;
3. Conter todos os grupos funcionais necessários ao funcionamento do ecossistema ou não ter restrição para que representantes desses grupos cheguem ao ecossistema;
4. Ter ambiente físico adequado para suporte e desenvolvimento da comunidade restaurada;
5. Apresentar funcionamento aparentemente adequado, sem problemas evidentes;
6. Estar integrado a uma paisagem que permita fluxo entre hábitats e interações ecológicas;
7. Estar isento ou minimizar o impacto de fatores de degradação;
8. Ser resistente e resiliente a perturbações naturais;
9. Ser autossustentável, assim como o ecossistema de referência, apresentando períodos naturais de flutuação em sua composição e funcionamento.

Para a Mata Atlântica, estudos recentes mostram que mecanismos de restauração podem reverter a degradação do ambiente, possibilitando triplicar, em apenas 60 anos, a quantidade de carbono sequestrado em áreas florestais em regeneração (MARQUES et al., 2016).

Estudos científicos têm mensurado em termos monetários o valor dos serviços prestados naturalmente pelos ecossistemas (KUNZ et al. 2011). Análises dessa natureza ainda são incipientes no Brasil, mas têm sido cada vez mais frequentes as investigações que mensuram o impacto econômico dos serviços ecossistêmicos prestados por vertebrados, como o controle de pragas agrícolas por morcegos e aves (LIBRÁN-EMBID et al., 2017; BOESING et al., 2017). Por essa razão, é imprescindível conservar os fragmentos ainda restantes e que abrigam maior diversidade de espécies. Caso tenhamos que escolher entre um e outro, devemos priorizar os que resguardam a maior diversidade genética, taxonômica e funcional possível.

Paisagens

De acordo com Metzger (2001, p. 4), "um mosaico heterogêneo formado por unidades interativas, sendo esta heterogeneidade existente para pelo menos um fator, segundo um observador e numa determinada escala de observação". As paisagens representam áreas que variam substancialmente entre os lugares, em geral incluindo múltiplos ecossistemas. Em seus estudos, a ecologia de paisagem faz uso de dados de sensoriamento remoto para mensurar fatores como a cobertura do solo, os tipos de vegetação, a presença humana na paisagem e de corpos d'água, entre outros, os quais podem ser incluídos em modelos que avaliam as respostas das comunidades a essa heterogeneidade (THUILLER et al., 2004). No âmbito da paisagem, é possível antecipar os efeitos de ameaças antrópicas e identificar as melhores estratégias para a conservação da biodiversidade, como definir a malha

de áreas protegidas, uma vez que esses modelos associam a distribuição das espécies a diferentes cenários, como os previstos para o aquecimento global ou o atual cenário de uso da terra para fins agrícolas (FALEIRO et al., 2013; LEMES; LOYOLA, 2014).

Com o avanço do desmatamento, grandes áreas de hábitat são perdidas, acarretando a perda de espécies de vertebrados e invertebrados. Ao reduzir áreas de vegetação nativa, levando à perda de hábitat, também ocorre a fragmentação de hábitat, outro processo que reduz o tamanho populacional de vertebrados e invertebrados e gera implicações profundas no estado de conservação de espécies e comunidades, uma vez que *habitats* mais diversos (e de áreas mais extensas) geralmente contêm maior diversidade de espécies (MACARTHUR; WILSON, 1963). Nesse sentido, uma das contribuições mais significativas sobre esse entendimento foi o surgimento da Teoria da Biogeografia de Ilhas (TBI) (MACARTHUR; WILSON, 1967). A TBI propõe que o número de espécies presentes em uma ilha não está condicionado apenas ao seu tamanho, mas também ao seu grau de isolamento, aferido pela distância do continente ou de outra ilha, consideradas áreas fontes.

Os modelos que deram corpo à TBI têm a premissa de que as ilhas funcionam como um sistema fechado, em que a dispersão influencia as comunidades em várias escalas (local, regional, global), as quais detêm um número de espécies resultante do equilíbrio entre as taxas de colonização e extinção. Desde então, a teoria não se resume apenas a ilhas oceânicas e foi expandida para outros hábitats, nos

quais as “ilhas” podem se referir a qualquer hábitat isolado por um ambiente inadequado às espécies. Esses hábitats isolados pela fragmentação podem ser representados por topos de montanha, clareiras no meio da mata, tipos de solos, lagos rodeados por terra seca ou florestas fragmentadas circundadas por paisagens alteradas pelo homem. Assim, as métricas em paisagens incluem, em seus parâmetros, uma série de fatores relacionados às comunidades a seus hábitats (ou seja, suas ilhas), como as taxas de dispersão, os filtros ambientes, a estrutura de comunidades, a distância entre os hábitats, o grau de conectividade entre elas, os efeitos de borda, entre outros.

Sob essa perspectiva de investigação, os hábitats são definidos como um espaço ou ecossistema utilizado por espécies animais ou vegetais, no qual é encontrado um conjunto de condições e recursos ideais para desenvolvimento, reprodução e sobrevivência. Na paisagem, também podem ser chamados de manchas, que são áreas homogêneas numa determinada escala, que se distinguem das unidades vizinhas e têm extensões reduzidas e não lineares. Os hábitats também podem ser chamados de fragmentos, que são manchas originadas pela fragmentação de uma área antes contínua, em que aconteceu uma subdivisão promovida pela ação do homem. Essa subdivisão de hábitats gera um espaço entre eles, chamado de "matriz". As matrizes podem ser áreas de pastagem, cultivos agrícolas ou áreas urbanas, as quais podem ser mais ou menos permeáveis para as espécies que ocorrem nessas paisagens (Figura 2).

A permeabilidade da matriz depende das características ecológicas das espécies e geralmente é mediada pela sua capacidade de dispersão. Se uma metapopulação[2] ou metacomunidade[3] vive dentro de uma paisagem cuja matriz é intransponível, é preciso que os manejadores estabeleçam condições e ações para o fluxo dos indivíduos, como a implementação de corredores ecológicos entre as manchas de hábitat e a manutenção ou criação de "trampolins ecológicos". Os corredores ecológicos são áreas homogêneas que ligam dois ou mais fragmentos e facilitam o deslocamento dos indivíduos, enquanto trampolins ecológicos são pequenas manchas de hábitat dispersas pela matriz que podem funcionar para algumas espécies como pontos de parada durante o fluxo entre manchas (Figura 2). Ambos têm se mostrado valorosos para resguardar os serviços e funções de um ecossistema, além de combater os efeitos da fragmentação de hábitats (SEOANE et al., 2010).

Numa determinada paisagem, a presença de corredores ecológicos garante a movimentação natural dos indivíduos. A implementação de corredores ecológicos favorece ações de manejo que incorporam translocações entre indivíduos de subpopulações, assim como reintroduções de indivíduos oriundos de cativeiros que podem contribuir com o repovoamento das paisagens. Um exemplo de programa de manejo de metapopulações em escala de paisagens realizado no

2 Um conjunto de subpopulações de uma mesma espécie que não está ligada entre si, mas possui diversos processos em comum e indivíduos que se movem de uma população para outra.

3 Um conjunto de comunidades em interação que está ligado pela dispersão de indivíduos entre comunidades locais.

Brasil, e que vem obtendo sucesso na conservação da espécie, é o projeto de longa duração para a conservação dos micos-leões-pretos (*Leontopithecus chrysopygus*), desenvolvido pelo Instituto de Pesquisas Ecológicas (IPÊ).[4]

Outro fator cujo impacto varia em função das características das espécies é o efeito de borda. Com a fragmentação, o perímetro dos novos fragmentos (borda) fica exposto a diferentes níveis de fatores físicos, químicos e/ou biológicos, como luminosidade, umidade, presença de predadores e contaminação por pesticidas, que afetam a sobrevivência ou permanência de determinadas espécies naquele local. Os estudos de paisagem e seus diferentes conceitos e classificações – fragmento, matriz, conectividade, corredores ecológicos, efeito de borda, entre outros – representaram um avanço significativo no delineamento de estratégias conservacionistas em diferentes níveis de organização biológica. Por exemplo, entre os diferentes debates associados ao amadurecimento da biologia da conservação, os estudos de paisagens trouxeram entendimentos ao debate conhecido como "SLOSS" (Single Large or Several Small, sigla em inglês para "único grande ou vários pequenos"). Basicamente, a discussão questionava se a melhor estratégia para conservar a biodiversidade em determinada região seria preservar uma única área grande (um fragmento de 10.000 hectares) ou muitas áreas pequenas (quatro fragmentos de 2.500 hectares) (DIAMOND, 1975; DIAMOND, 1976). Assim, o surgimento e avanço da ecologia de paisagens contribuíram para o entendimento sobre os melhores cenários para criar a malha de

4 O *site* do projeto pode ser acessado pelo link: https://ipe.org.br/.

unidades de conservação e conservar a biodiversidade no mundo fragmentado que vivemos (SHAFER, 1997; PRIMACK; RODRIGUES, 2001) (Figura 2).

Essa dinâmica é exemplificada na Figura 2, baseada no trabalho de Schaffer (1997). A primeira porção, identificada pela letra "a", explicita os conceitos de manchas/fragmentos, matriz, corredores ecológicos e trampolins ecológicos em uma paisagem hipotética. A segunda, "b", ilustra os melhores e piores cenários para conservação de manchas e delimitação de unidades de conservação (de cima para baixo: efeito do tamanho, número, proximidade, conectividade, formato e efeito de borda).

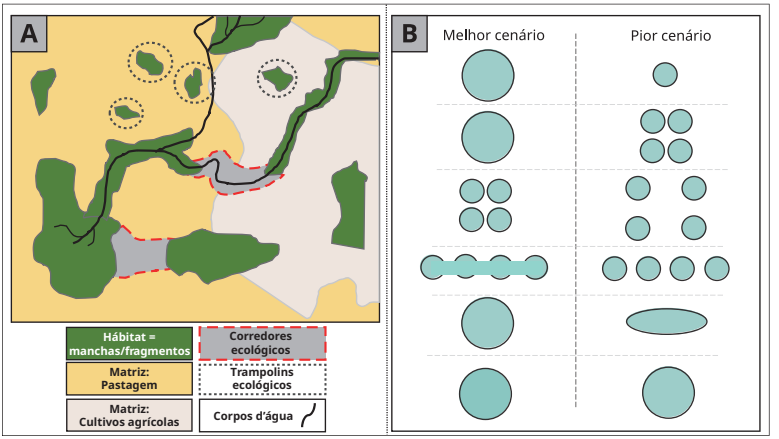


Figura 2: Alguns conceitos relacionados à ecologia de paisagem

Fonte: elaborado pelos autores.

A configuração espacial dos diferentes elementos que constituem uma paisagem (número, tamanho e grau de isolamento de manchas, permeabilidade da matriz, entre outros) afeta

diretamente as espécies ali inseridas, desde a composição das comunidades até o comportamento de movimentação dos indivíduos. Por exemplo, Almeida-Gomes e demais autores (2016) observaram que as assembleias de anfíbios anuros são moldadas pelo tamanho dos fragmentos de Mata Atlântica estudados. Os autores observaram que fragmentos florestais maiores apresentam mais espécies e maior diversidade de modos reprodutivos quando comparados a fragmentos menores. Eles observaram também que paisagens com predomínio de floresta contínua mantêm uma maior diversidade de espécies do que paisagens fragmentadas. Em outro estudo, Da Silva e demais autores (2015) destacaram a importância do tamanho, isolamento e visibilidade do fragmento e da permeabilidade da matriz como fatores que explicam a ocorrência dos primatas *Callicebus nigrifrons, Callithrix aurita* e *Sapajus nigritus*. Os autores destacam que entender o efeito de aspectos como a permeabilidade da matriz e a visibilidade de fragmentos vizinhos é essencial em estudos de paisagens, uma vez que esses aspectos influenciam fortemente o movimento de espécies entre fragmentos com consequências em vários processos ecológicos relacionados ao fluxo gênico. As diferentes configurações das paisagens moldadas pela intensa fragmentação de hábitats atingem diretamente as redes complexas de interações ecológicas. Hagen e demais autores (2012) apontam que os traços das diferentes espécies (habilidade de dispersão, tamanho do corpo etc.) são determinantes quanto às diferentes respostas mensuradas nas redes de interação conforme variam as características das paisagens em que estão inseridas, como tamanho e grau de isolamento dos fragmentos, tamanho e

permeabilidade da borda dos fragmentos e permeabilidade da matriz circundante.

A estrutura da paisagem também influencia o controle da abundância de insetos considerados pragas agrícolas. Boesing e demais autores (2017) descobriram que a supressão de pragas pelas aves era frequentemente mais alta em paisagens com maior cobertura de hábitat nativo, maior heterogeneidade de composição e em áreas agrícolas mais próximas dos hábitats nativos. Enquanto a maioria dos insetos predados por aves é composta por espécies generalistas de hábitat, uma fração substancial dos serviços de controle de pragas em regiões tropicais foi mediada por espécies dependentes de hábitat, sugerindo uma ligação entre o gerenciamento de conservação e a manutenção dos serviços de controle de pragas. Essas descobertas podem ser aplicadas a esforços para gerenciar e projetar paisagens capazes de apoiar a biodiversidade e os serviços ecossistêmicos de controle de pragas em múltiplas escalas espaciais. Librán-Embid e demais autores (2017), ao investigarem o efeito positivo de aves e morcegos no controle de pragas, destacam a importância de empregar uma análise em várias escalas em sistemas nos quais várias espécies, que percebem a paisagem de maneira diferente, estão fornecendo serviços ecossistêmicos. Esses resultados sugerem que os serviços prestados por vertebrados voadores são modulados por processos que ocorrem em diferentes escalas espaciais. As áreas com alta cobertura florestal local – que, em geral, contêm mais vertebrados voadores – podem estabelecer interações negativas. Um exemplo é a predação de artrópodes, que é mais

frequente em ambientes com alta cobertura florestal do que em áreas com baixa cobertura florestal.

Macroecologia

Uma das características ecológicas mais importantes e observadas na macroecologia são os gradientes climáticos e latitudinais. A influência do clima atual sobre padrões de grande escala de riqueza de espécies tem sido frequentemente comprovada (WILLING et al., 2003; HAWKINS et al., 2003; DINIZ-FILHO et al., 2004; KASPARI et al., 2004), e, assim, a macroecologia tem auxiliado na proposta de planos de conservação em grandes escalas, fundamentando-se no conhecimento da distribuição passada e presente da espécie em questão. Kerr e demais autores (2007), em uma revisão sobre as contribuições da macroecologia para a solução de problemas causados pelas mudanças climáticas globais, salientam que a macroecologia tem se mostrado uma ferramenta eficaz na previsão dos impactos das mudanças globais nas espécies. Embora as causas dos padrões ecológicos em grande escala ainda necessitem de melhores explicações, os avanços nos estudos macroecológicos têm levado ao entendimento sobre os mecanismos e processos que governam a origem e a manutenção da biodiversidade (HAWKINS, 2004).

No caso de espécies classificadas como “deficiente de dados” ("Data Deficient" ou "DD", na sigla em inglês), que são aquelas para as quais há informação insuficiente para aplicar critérios e atribuir a elas uma categoria de ameaça, muitos autores têm apontado que essas espécies podem estar atualmente sob alto risco de ameaça (HOWARD; BICKFORD,

2014; NORI; LOYOLA, 2015). Medidas cautelosas para considerar apropriadamente essas espécies em estratégias e políticas conservacionistas são essenciais para delinear e executar planos de manejo e gestão da biodiversidade (JARIC et al., 2016; TRINDADE-FILHO et al., 2012). Nori e demais autores (2018) mapearam a distribuição de 1.578 espécies de anfíbios categorizadas pela International Union for Conservation of Nature (IUCN) como deficientes de dados e definiram áreas prioritárias para pesquisa sobre esse grupo. Os autores demonstraram que a coleta de informações biológicas sobre as espécies de apenas 0,4% da área total do mundo poderia esclarecer o *status* de conservação de mais de 80% das espécies de anfíbios categorizadas como DD.

A macroecologia utiliza modelagem preditiva de distribuição geográfica, a qual vem se tornando uma ferramenta importante em estudos de ecologia e conservação (COSTA et al., 2010). Ela tem sido usada para respaldar ações governamentais (TÔRRES; VERCILLO, 2012), predizer a distribuição atual das espécies, discutir padrões de riqueza e modelar sua distribuição em relação às mudanças climáticas globais (LEMES; LOYOLA, 2014). Além de incluir o estudo da expansão em espécies invasoras, a modelagem de distribuição geográfica contribui para avaliar o prognóstico dos efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade, delinear planos para conservação de espécies ameaçadas e/ou inferir a influência da heterogeneidade de hábitats no padrão espacial da biodiversidade.

Ao investigarem a relação entre riqueza de espécies e tipos de hábitats em grandes escalas geográficas, Alves

e demais autores (2018) descobriram que a compreensão dos gradientes geográficos da diversidade de morcegos e de seus determinantes ambientais é mais complexa do que se pensava. Portanto, a relação entre a riqueza de espécies de morcegos e o meio ambiente não é constante no espaço geográfico. Ainda, as contribuições compartilhadas entre heterogeneidade ambiental, energia e sazonalidade são mais importantes do que suas contribuições isoladas. Já para padrões geográficos de diversidade filogenética de mamíferos terrestres, Peixoto e demais autores (2018) encontram que elevações mais altas foram associadas aos maiores índices, demonstrando que a capacidade de dispersão é essencial para determinar a resposta de diferentes linhagens às barreiras geográficas e ambientais.

Nesse contexto, ecólogos são cada vez mais confrontados com questões que, de uma maneira ou de outra, envolvem análises e predições ao longo de vastas áreas geográficas e períodos de tempo. Restam poucas dúvidas de que muitos dos problemas que lidam com sistemas ambientais têm componentes em grandes escalas. Embora ecólogos tenham tido sucesso em responder a questões, testar hipóteses científicas e desenvolver teorias em pequenas escalas, eles agora estão rapidamente empregando novas técnicas que facilitam o estudo de processos regionais em escalas maiores, abordagens típicas de estudos macroecológicos (SORANNO; SCHIMEL, 2014).

Observações finais, perspectivas e desafios

Na literatura sobre a História humana, uma grande quantidade de trabalhos tem investigado o impacto do *Homo sapiens* nos ecossistemas naturais desde o seu florescimento como espécie. De acordo com Harari (2015), a primeira onda de extinção que acompanhou a disseminação de nossos ancestrais caçadores-coletores antecedeu a segunda onda de extinção, que seguiu a disseminação dos agricultores e nos dá uma perspectiva importante sobre a terceira onda de extinção, causada, hoje, pela atividade industrial e pelo avanço agropastoril. O autor salienta que é ingênuo acreditarmos que nossos ancestrais viveram em harmonia com a natureza, lembrando que:

> [...] o *Homo sapiens* já era o recordista, entre todos os organismos, em levar as espécies de plantas e animais mais importantes à extinção. Temos a honra duvidosa de ser a espécie mais mortífera nos anais da Biologia. (...) Se as coisas prosseguirem no ritmo atual, é provável que baleias, tubarões, atuns e golfinhos sigam os diprotodontes, as preguiças-gigantes e os mamutes rumo ao desaparecimento. De todas as grandes criaturas do mundo, os únicos sobreviventes da inundação humana serão os próprios humanos e os animais domésticos que servem como escravos na Arca de Noé (HARARI, 2015, p. 109).

Considerando que a espécie humana surgiu há apenas 200 mil anos e tendo em vista que o tempo médio de duração de uma espécie é de cerca de 1 milhão de anos, a nossa espécie está apenas em sua adolescência. Como Ehrlich e Pringle (2008) colocam, o *H. sapiens* se comporta como uma espécie narcisista, que pressupõe a própria imortalidade,

tratando mal os ecossistemas que nos geraram e ainda nos amparam, sem pensar nas consequências de nossas ações. Devemos, portanto, tomar consciência do nosso papel no gerenciamento da biodiversidade e de reflexões e ações que garantam que, no futuro, ainda possamos observar essa grandeza de formas de vida. Embora a ecologia e a biologia da conservação tenham amadurecido e incorporado uma gama de teorias e ferramentas metodológicas, a escassez de dados de história natural ainda é característica de todos os ramos das ciências biológicas, indispensáveis para o entendimento acurado sobre a biodiversidade. Apesar dos crescentes esforços para reunir dois séculos de inventários sobre biodiversidade em um conjunto de dados compreensivo, muitas questões cruciais para a pesquisa em biodiversidade permanecem sem respostas.

Hortal e demais autores (2015) atualizaram e revisaram as lacunas de conhecimento para proporcionar um melhor entendimento sobre a biodiversidade. Antes desse trabalho, respostas às quatro seguintes lacunas já haviam sido propostas: a lacuna de conhecimentos taxonômicos sobre as espécies (lineana), de distribuição geográfica (wallaceana), de abundância (prestoniana) e de padrões evolutivos (darwiniana). Nesse trabalho, também foi redefinida a lacuna hutchinsoniana, relacionada às tolerâncias abióticas de espécies, que propuseram novas lacunas relativas ao limitado conhecimento sobre os atributos das espécies (raunkiærana) e suas interações bióticas (eltoniana). Os autores ressaltam que as lacunas de conhecimento sobre a biodiversidade precisam ser cuidadosamente reconhecidas e quantificadas, já que

dados enviesados comprometem nossa capacidade de gerar predições acuradas sobre como poderá ser o cenário futuro.

Muitos campos de pesquisa estão passando por uma revolução metodológica, que tem sido particularmente empregada tanto na ecologia quanto nas *E-researches* – que consistem na aplicação de tecnologias de informação e comunicação. Em países desenvolvidos, a *E-research* já é utilizada com frequência por meio de redes computacionais nacionais, laboratórios e nuvens virtuais para compartilhamento de dados. Plataformas digitais de alta performance e aplicativos que monitoram e coletam dados têm sido uma tendência na comunidade científica. Em sintonia com essa abordagem mais integrada, o uso de ferramentas baseadas no emprego de um grande conjunto de dados (*Big Data*) tem encorajado avanços na ecologia por meio da busca de novos dados, integração de conjuntos de dados, meta-análises e revisões sistemáticas. Como dados de distribuição geográfica dependem de inventários em campo, aqueles que forem utilizados para múltiplos estudos devem ser codificados de maneira a permitir a sua compatibilidade (MORRISON; YOUNG, 2016).

Entretanto, essa crescente ênfase social nos *Big Data* apresenta um problema para pesquisadores da área de biodiversidade: coletivamente, os ecólogos e biólogos em geral produzem uma tremenda quantidade de dados, mas a ecologia ainda não desenvolveu uma cultura de transparência e compartilhamento de dados (JONES et al, 2006; ELLISON, 2010; REICHMAN et al, 2011). Por muito tempo, a ecologia foi dominada, de fato, pelo que Heidorn (2008) define como *long tail science*, ou seja, a ciência conduzida por investigações

individuais, geralmente limitadas por escalas espaciais e temporais balizadas por modelos de fomento que fornecem capacidade limitadas para curadoria ou compartilhamento de dados. Esses problemas surgem devido à falta de incentivos para compartilhamento colaborativo de dados, especialmente no caso de dados ecológicos, que apresentam grande heterogeneidade (JONES et al., 2006).

Seguindo seu curso de desenvolvimento e amadurecimento, tanto a ecologia quanto a biologia da conservação têm tido grandes avanços na coleta de dados sobre a biodiversidade em escalas regionais e global. Um dos megaprojetos mais recentes nesse sentido é o Map of Life (MoL),[5] uma ferramenta *on-line* que tem o objetivo de representar a distribuição de todas as espécies do planeta (JETZ et al., 2012). Até setembro de 2015, o MoL continha 194 bancos de dados com mais de 937.000 espécies e mais de 370 milhões de registros. Outros projetos similares, como o Global Biodiversity Information Facility;[6] The Catalogue of Life; The Encyclopedia of Life[7] e o Paleobiology Database[8] têm o potencial de fornecer recursos incalculáveis para o avanço de pesquisas ecológicas e programas de conservação (RIDDLE et al., 2011). No Brasil, iniciativas similares também reúnem dados sobre a biodiversidade do país, como o *Specieslink*;[9] o Sistema de

5 Disponível em: http://www.mol.org.

6 Disponível em: http://www.gbif.org/.

7 Disponível em: http://www.eol.org.

8 Disponível em: http://paleobiodb.org.

9 Disponível em: http://splink.cria.org.br/.

Informação Sobre a Biodiversidade Brasileira (SiBBr)[10] e o Portal da Biodiversidade[11]. Devido ao crescimento, à complexidade e à diversidade de bancos de dados, também têm ocorrido avanços computacionais e analíticos, tais como o "aprendizado de máquina", tradução livre para "*machine learning*" (PETERS et al., 2014), bem como a recente evolução de tecnologias *on-line* para utilizar e trabalhar com grande volume de dados ambientais (HAMPTON et al., 2013; VITOLO et al., 2015). Assim, esse progresso tem grande potencial para proporcionar avanços científicos no conhecimento sobre biodiversidade, e, dessa forma, determinar os novos rumos no campo da ecologia e da biologia da conservação.

Temos a certeza de que, neste texto, não chegamos nem próximo de abordar todo o campo teórico-prático da ecologia aplicada à conservação. Há assuntos e exemplos tão (ou até mais) importantes quanto os citados aqui e que podem ter ficado de fora dessa compilação. Entretanto, dado o cenário ambiental brasileiro contemporâneo, entendemos que é preciso difundir e disseminar o que já sabemos sobre as áreas do conhecimento relacionadas à conservação da biodiversidade, além de dar continuidade a estudos científicos para melhor compreendê-la e, assim, conservá-la. Nesse instante histórico, assim como em muitos do passado, nós brasileiros somos detentores da fauna e da flora mais ricas de toda a América do Sul, com uma das mais majestosas biodiversidades do mundo. Precisamos cada vez mais delinear estratégias e ações aplicáveis. Precisamos de investimento

10 Disponível em: https://www.sibbr.gov.br/.

11 Disponível em: https://portaldabiodiversidade.icmbio.gov.br/portal/.

em pesquisas. Precisamos do trabalho e das opiniões de profissionais capacitados, que balizam suas decisões em pressupostos da ciência, não na hipocrisia política ou em ações que só visam ao lucro. Somente uma sociedade consciente da megadiversidade de seu país é capaz de identificar um discurso progressista meramente mercantilista, imbuído em uma prática negadora da vida, poluidora do mar, dos rios, dos campos, devastadora de biomas e variedades genéticas únicas. Precisamos aprender que não há como pensar em desenvolver um país sem considerar sua riqueza biológica e sem elaborar planos para sustentá-la.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA-GOMES, Maurício *et al.* Patch size matters for amphibians in tropical fragmented landscapes. **Biological Conservation**, v. 195, p. 89-96, 2016.

ANAND, Madhur *et al.* Ecological systems as complex systems: challenges for an emerging science. **Diversity**, v. 2, n. 3, p. 395-410, mar. 2010.

BASCOMPTE, Jordi. Networks in Ecology. **Basic and Applied Ecology**, v. 8, p. 485-490, nov. 2007.

BEISSINGER, Steven. R.; WESTPHAL, Michael. I. On the use of demographic models of population viability in endangered species management. **Journal of Wildlife Management**, v. 62, n. 3, p. 821-841, jul. 1998.

BELLO, Carolina *et al.* Defaunation affects carbon storage in tropical forests. **Science Advances**, v. 1, n. 11, p. 1-10, dez. 2015.

BOESING, Andrea. L.; NICHOLS, Elizabeth; METZGER, Jean P. Effects of landscape structure on avian-mediated insect pest control services: a review. **Landscape Ecology**, v. 32, n. 5, p. 931-944, mar. 2017.

BONFIM, Fernando C. G. *et al.* Combining modeling tools to identify conservation priority areas: A case study of the last large-bodied avian frugivore in the Atlantic Forest. **Global Ecology and Conservation**, v. 17, p. 1-13, jan. 2019.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Portaria MMA nº 148, de 7 de junho de 2022**. Altera os Anexos da Portaria nº 443, de 17 de dezembro de 2014, da Portaria nº 444, de 17 de dezembro de 2014, e da Portaria nº 445, de 17 de dezembro de 2014, referentes à atualização da Lista Nacional de Espécies Ameaçadas de Extinção. Brasília: MMA, 2022. Disponível em: https://www.icmbio.gov.br/cepsul/images/stories/legislacao/Portaria/2020/P_mma_148_2022_altera_anexos_P_mma_443_444_445_2014_atualiza_especies_ameacadas_extincao.pdf. Acesso em: 21 out. 2022.

BUSTAMANTE, Mercedes M. C. Engagement of scientific community and transparency in C accounting: the Brazilian case for anthropogenic greenhouse gas emissions from land use, land-use change and forestry. **Environmental Research Letters**, v. 13, n. 5, p. 1-12, 2018.

CAIN, Michael L.; BOWMAN, William D.; HACKER, Sally D. **Ecologia**. 3. ed. Porto Alegre: Artmed Editora, 2018.

CARNAVAL, Ana Carolina *et al.* Stability predicts genetic diversity in the Brazilian Atlantic forest hotspot. **Science**, v. 323, n. 5915, p. 785-789, fev. 2009.

CIANCIARUSO, Marcus V.; SILVA, Igor A.; BATALHA, Marco A. Diversidades filogenética e funcional: novas abordagens para a Ecologia de comunidades. **Biota Neotropica**, v. 9, n. 3, p. 93-103, set. 2009.

COSTA, Gabriel C. *et al.* Sampling bias and the use of ecological niche modelling in conservation planning: a field evaluation in a biodiversity hotspot. **Biodiversity Conservation**, v. 19, p. 883-899, nov. 2010.

CULOT, Laurence *et al.* Selective defaunation affects dung beetle communities in continuous Atlantic rainforest. **Biological Conservation**, v. 163, p. 79-89, jul. 2013.

DA SILVA, Fabiana A. *et al.* Hunting, pet trade, and forest size effects on population viability of a critically endangered Neotropical primate, *Sapajus xanthosternos* (Wied-Neuwied, 1826). **American Journal of Primatology**, v. 78, n. 9, p. 950-960, set. 2016.

DA SILVA, Lucas G. *et al.* Patch Size, Functional Isolation, Visibility and Matrix Permeability Influences Neotropical Primate Occurrence within Highly Fragmented Landscapes. **PLoS ONE**, v. 10, n. 2, p. 1-20, fev. 2015.

DARWIN, Charles R. **On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life**. London: Murray, 1859.

DE GROOT, Rudolf S. *et al.* Challenges in integrating the concept of ecosystem services and values inlandscape planning, management and decision making. **Ecological Complexity**, v. 7, p. 260-272, set. 2010.

DESBIEZ, Arnaud Leonard J.; BERTASSONI, Alessandra; TRAYLOR-HOLZER, Kathy. Population viability analysis as a tool for giant anteater conservation. **Perspectives in Ecology and Conservation**, v. 18, n. 2, p. 124-131, abr./jun. 2020.

DIAMOND, Jared. M. The island dilemma: lessons of modern biogeography studies for the design of nature reserves. **Biological Conservation**, v. 7, n. 2, p. 129-146, fev. 1975.

DIAMOND, Jared *et al*. Island Biogeography and Conservation: strategy and limitation. **Science**, v. 193, p. 1029-1030, 1976.

DINIZ-FILHO, José Alexandre F.; RANGEL, Thiago F. L. V. B.; HAWKINS, Bradford A. A test of multiple hypotheses for the species richness gradient of South American owls. **Oecologia**, v. 140, n. 4, p. 633-638, ago. 2004.

DIRZO, Rodolfo *et al.* Defaunation in the Anthropocene. **Science**, v. 345, n. 6195, p. 401-406, jul. 2014.

DOWNING, Amy L.; LEIBOLD, Mathew A. Species richness facilitates ecosystem resilience in aquatic food webs. **Freshwater Biology**, v. 55, n. 10, p. 2123-2137, jul. 2010.

EHRLICH, Paul R.; PRINGLE, Robert M. Where does biodiversity go from here? A grim business-as usual forecast and a hopeful portfolio of partial solutions. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 105, p. 11579-11586, ago. 2008.

ELLISON, Aaron. M. Repeatability and transparency in ecological research. **Ecology**, v. 91, n. 9, p. 2536-2539, set. 2010.

ERONEN, Markus I. Levels of organization: a deflationary account. **Biology and Philosophy**, v. 30, n. 1, p. 39-58, ago. 2014.

FALEIRO, Frederico V.; MACHADO, Ricardo B.; LOYOLA, Rafael D. Defining spatial conservation priorities in the face of land-use and climate change. **Biological Conservation**, v. 158, p. 248-257, fev. 2013.

FENKER, Jessica *et al.* Evolutionary history of Neotropical savannas geographically concentrates species, phylogenetic and functional diversity of lizards. **Journal of Biogeography**, v. 47, n. 5, p. 1130-1142, maio 2020.

FERRAZ, Daniel S. *et al.* Northern Muriqui – *Brachyteles hypoxanthus*. **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2019. Disponível em: https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T2994A17927482.en. Acesso em: 13 jul. 2020.

FERREIRA, Eloisa A. B. *et al.* Carbon stocks in compartments of soil organic matter 31 years after substitution of Native Cerrado vegetation by agroecosystems. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 40, p. 1-15, 2016.

FLANKLIN, Janet. **Mapping species distributions:** special inference and prediction. Cambridge: University Press, 2009.

GALETTI, Mauro; DIRZO, Rodolfo. Ecological and evolutionary effects of living in a defaunated world. **Biological Conservation**, v. 163, p. 1-6, jul. 2013.

GENRICH, Christiane M. *et al.* Duality of interaction outcomes in a plant-frugivore multilayer network. **Oikos**, v. 126, n. 3, p. 361-368, mar. 2017.

GOUVEIA, Sidney F. Forest structure drives global diversity of primates. **Journal of Animal Ecology**, v. 83, n. 6, p. 1523-1530, nov. 2014.

GRELLE, Carlos Eduardo V. *et al.* Uma década de Biologia da Conservação no Brasil. **Oecologia brasiliensis**, v. 13, n. 3, p. 420-433, 2009.

GUY, Cylita *et al.* Evaluating landscape suitability for golden-headed lion tamarins (*Leontopithecus chrysomelas*) and Wied's black tufted-ear marmosets (*Callithrix kuhlii*) in the Bahian Atlantic Forest. **Tropical Conservation Science**, v. 9, n. 2, p. 735-757, jun. 2016.

HAGEN, Melanie *et al.* Biodiversity, Species Interactions and Ecological Networks in a Fragmented World. **Advances in Ecological Research**, v. 46, p. 89-210, 2012.

HAMPTON, Stephanie E. Big data and the future of ecology. **Frontiers in Ecology and the Environment**, v. 11, n. 3, p. 156-162, abr. 2013.

HARARI, Yuval Noah. **Sapiens:** uma breve história da humanidade. Tradução de Janaína Marconatonio. Porto Alegre: L&PM, 2015.

HAWKINS, Bradford A.; PORTER, Eric E.; DINIZ-FILHO, José Alexandre F. Productivity and history as predictors of the latitudinal diversity gradient of terrestrial birds. **Ecology**, v. 84, n. 6, p. 1608-1623, jun. 2003.

HAWKINS, Bradford A. Are we making progress toward understanding the global diversity gradient? **Basic and Applied Ecology**, v. 5, n. 1, p. 1-3, 2004.

HEIDORN, P. Bryan. Shedding light on the dark data in the long tail of science. **Library trends**, v. 57, n. 2, p. 280-299, 2008.

HOBBS, Richard J.; HIGGS, Eric; HARRIS, James A. Novel ecosystems: implications for conservation and restoration. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 24, n. 11, p. 599-605, nov. 2009.

HORTAL, Joaquín *et al.* Seven shortfalls that beset large-scale knowledge of biodiversity. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 46, p. 523-549, dez. 2015.

HOWARD, Sam D.; BICKFORD, David P. Amphibians over the edge: Silent extinction risk of Data Deficient species. **Diversity and Distributions**, v. 20, n. 7, p. 837-846, maio 2014.

HUTCHINSON, G. Evelyn. Population studies: animal ecology and demography. **Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology**, v. 22, p. 415-427, 1957.

HUTCHINSON, G. Evelyn. The niche: an abstractly inhabited hypervolume. **The Ecological Theatre and the Evolutionary Play**. New Haven: Yale University Press, 1965, p. 26-78.

JARIC, Ivan *et al.* Potentially threatened: a Data Deficient flag for conservation management. **Biodiversity and Conservation**, v. 25, p. 1995-2000, jun. 2016.

JETZ, Walter; MCPHERSON, Jana M.; GURALNICK, Robert P. Integrating biodiversity distribution knowledge: toward a global map of life. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 27, n. 3, p. 151-59, mar. 2012.

JONES, Mathew B. *et al.* The new bioinformatics: integrating ecological data from the gene to the biosphere. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, v. 37, p. 519-544, dez. 2006.

KASPARI, Michael; WARD, Philip S.; YUAN, May. Energy gradients and geographic distribution of local ant diversity. **Oecologia**, v. 140, n. 3, p. 407-413, ago. 2004.

KERR, Jeremy T.; KHAROUBA, Heather M.; CURRIE, David J. The macroecological contribution to global change solutions. **Science**, v. 316, n. 5831, p. 1581-1584, jun. 2007.

KUNZ, Thomas H. *et al.* Ecosystem services provided by bats. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1223, p. 1-32, mar. 2011.

LEMES, Priscila; LOYOLA, Rafael D. Mudanças climáticas e prioridades para a conservação da biodiversidade. **Revista de Biologia Neotropical**, v. 11, n. 1, p. 47-57, mar. 2015.

LIBRÁN-EMBID, Felipe; DE COSTER, Greet; METZGER, Jean P. Effects of bird and bat exclusion on coffee pest control at multiple spatial scales. **Landscape Ecology**, v. 32, n. 9, p. 1907-1920, jul. 2017.

MACARTHUR, Robert H.; WILSON, Edward O. An equilibrium theory of insular zoogeography. **Evolution**, v. 17, n. 4, p. 373-387, dez. 1963.

MACARTHUR, Robert H.; WILSON, Edward O. **The Theory of Island Biogeography**. Princeton, NJ: Princeton University Press, 1967.

MARQUES, Márcia C. Mendes. Mata Atlântica: O desafio de transformar um passado de devastação em um futuro de conhecimento e conservação. *In*: PEIXOTO, Ariane L.; LUZ, José Roberto P.; BRITO, Márcia A. de. **Conhecendo a Biodiversidade**. Brasília: MCTIC, CNPq, PPBio, 2016, p. 50-67.

MELLO, Marco Aurélio R. Desemaranhando a colina de Darwin. **Ciência Hoje**, v. 58, n. 343, p. 50-57, dez. 2016.

METZGER, Jean Paul. O que é ecologia de paisagens? **Biota Neotropica**, v. 1, n. 1, p. 1-9, nov. 2001.

MORRIS, William F.; DOAK, Daniel F. **Quantitative Conservation Biology:** Theory and Practice of Population Viability. Sunderland, MA: Sinauer Associates, 2002.

MORRISON, Lloyd W.; YOUNG, Craig C. Standardization and Quality Control in Data Collection and Assessment of Threatened Plant Species. **Data**, v. 1, n. 3, p. 1-20, dez. 2016.

NORI Javier; VILLALOBOS, Fabrício; LOYOLA, Rafael. Global priority areas for amphibian research. **Journal of Biogeography**, v. 45, n. 11, p. 2588-2594, out. 2018.

ODUM, Eugene P.; BARRET, Gary W. **Fundamentos de Ecologia**. São Paulo: Cengage Learning, 2011.

OLIVER, Tom H. *et al.* Biodiversity and resilience of ecosystem functions. **Trends in ecology & evolution**, v. 30, n. 11, p. 673-684, nov. 2015.

PEIXOTO, Franciele P. *et al.* Geographical patterns of phylogenetic beta-diversity components in terrestrial mammals. **Global Ecology and Biogeography**, v. 26, n. 5, p. 573-583, abr. 2017.

PETERS, Debra P. C. *et al.* Harnessing the power of big data: infusing the scientific method with machine learning to transform ecology. **Ecosphere**, v. 5, n. 6, p. 1-15, jun. 2014.

PETERSON, A. Townsend *et al.* **Ecological niches and geographic distributions**. Princeton, NJ: Princeton University Press, 2011.

PINTO, Fernando A. S. *et al.* Giant anteater (*Myrmecophaga tridactyla*) conservation in Brazil: Analysing the relative effects of fragmentation and mortality due to roads. **Biological Conservation**, v. 228, p. 148-157, dez. 2018.

PINTO-COELHO, Ricardo M. *et al.* The inverted trophic cascade in tropical plankton communities: impacts of exotic fish in the Middle Rio Doce lake district, Minas Gerais, Brazil. **Brazilian Journal of Biology**, v. 68, n. 4, p. 1025-1037, nov. 2008.

PRIMACK, Richard B.; RODRIGUES, Efraim. **Biologia da conservação**. Londrina: Editora Planta, 2001.

PÜTTKER, Thomas *et al.* Indirect effects of habitat loss via habitat fragmentation: A cross-taxa analysis of forest-dependent species. **Biological Conservation**, v. 241, n. 108368, p. 1-10, 2020.

REICHMAN, O. J.; JONES, Mathew B.; SCHILDHAUER, Mark P. Challenges and opportunities of open data in ecology. **Science**, v. 331, n. 6018, p. 703-705, fev. 2011.

RIBEIRO, Bruno R. *et al.* Assessing mammal exposure to climate change in the Brazilian Amazon. **PloS ONE**, v. 11, n. 11, p. 1-3, nov. 2016.

RICKLEFS, Robert; RELYEA, Rick. **A economia da natureza**. 7. ed. Rio de Janeiro, RJ: Guanabara Koogan, 2016.

RIDDLE, Brett R.. Basic biogeography: estimating biodiversity and mapping nature. *In*: LADLE, Richard J.; WHITTAKER, Robert J. (ed.). **Conservation Biogeography**, Oxford, UK: Wiley, 2011, p. 45-92.

SEOANE, Carlos Eduardo S. *et al.* Corredores ecológicos como ferramenta para a desfragmentação de florestas tropicais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 63, p. 207, out. 2010.

SHAFFER, Mark L. Minimum population sizes for species conservation. **Bioscience**, v. 31, n. 2, p. 131-134, fev. 1981.

SORANNO, Patricia A.; SCHIMEL, David S. Macrosystems ecology: big data, big ecology. **Frontiers in Ecology and the Environment**, v. 12, n. 1, p. 1-3, fev. 2014.

SOULÉ, Michael E. (ed.). **Viable populations for conservation**. United Kingdom: Cambridge University Press, 1987.

STRIER, Karen B. *et al.* Demographic monitoring of wild muriqui populations: Criteria for defining priority areas and monitoring intensity. **PLoS ONE**, v. 12, n. 12, p. 1-14, dez. 2017. Disponível em: https://journals.plos.org/plosone/article/file?id=10.1371/journal.pone.0188922&type=printable. Acesso em: 20 jan. 2022.

STRIER, Karen. B. *et al.* Status of the northern muriqui (*Brachyteles hypoxanthus*) in the time of yellow fever. **Primates**, v. 60, n. 1, p. 21-28, jan. 2019.

TALEBI, Maurício Gomes *et al.* Southern Muriqui – *Brachyteles arachnoides*. **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2019. Disponível em: https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T2993A17927228.en. Acesso em: 13 jul. 2020.

THUILLER, Wilfried *et al.* Effects of restricting environmental range of data to project current and future species distributions. **Ecography**, v. 27, n. 2, p. 165-172, 2004.

TÔRRES, Natália M.; VERCILLO, Ugo E. Como ferramentas de modelagem de distribuição de espécies podem subsidiar ações de governo. **Natureza & Conservação**, v. 10, n. 2, p. 228-230, dez. 2012.

TRINDADE-FILHO, Joaquim *et al.* How does the inclusion of Data Deficient species change conservation priorities for amphibians in the Atlantic Forest? **Biodiversity and Conservation**, v. 21, p. 2709-2718, jul. 2012.

TRUBINA, Marina R. Species richness and resilience of forest communities: combined effects of short-term disturbance and long-term pollution. *In*: VALK, A. G. **Forest Ecology:** Recent Advances in Plant Ecology. Berlin: Springer Dordrecht, 2008, p. 339-350.

VELLEND, Mark; ORROCK, John L. Ecological and genetic models of diversity: lessons across disciplines. *In*: LOSOS, J. B.; RICKLEFS, R. E. (ed.). **The Theory of Island Biogeograpy at 40:** Impacts and Prospects, p. 439-461, 2009.

VIDAL, Mariana M. *et al.* Predicting the non-linear collapse of plant–frugivore networks due to habitat loss. **Ecography**, v. 42, n. 10, p. 1765-1776, out. 2019.

VITOLO, Claudia *et al.* Web Technologies for environmental big data. **Enviromental Modeling & Software**, v. 63, p. 185-198, jan. 2015.

VOGEL, Anja; SCHERER-LORENZEN, Michael; WEIGELT, Alexandra. Grassland resistance and resilience after drought depends on management intensity and species richness. **PLOS ONE**, v. 7, n. 5, p. 1-10, maio 2012.

WILLIAMS, Justin C.; REVELLE, Charles S.; LEVIN, Simon A. Spatial attributes and reserve design models. **Environmental Modeling and Assessment**, v. 10, p. 163-181, nov. 2005.

WILLIG, Michael R.; KAUFMAN, Dawn M.; STEVENS, Richard D. Latitudinal gradients of biodiversity: pattern, process, scale and synthesis. **Annual Reviews of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 34, p. 273-309, nov. 2003.

WILLIS, Kathy J.; JEFFERS, Elizabeth S.; TOVAR, Carolina. What makes a terrestrial ecosystem resilient? **Science**, v. 359, n. 6379, p. 988-989, mar. 2018.

CAPÍTULO 2

Paleobiologia da conservação: lições do passado para conservação da biodiversidade

Alessandro Marques de Oliveira

O que é a paleobiologia da conservação?

A paleobiologia da conservação é uma disciplina nova, que surgiu a partir de discussões no início dos anos 2000, passou por um processo de maturação e agora se encontra idealmente preparada para definições e determinações de metas acordadas por meio do debate acadêmico (FLESSA, 2002; DIETL; FLESSA, 2011; DIETL et al., 2015; BARNOSK, 2017; TYLER, 2018). Em 2001, o termo "paleobiologia da conservação" foi introduzido pela comunidade paleontológica durante uma sessão específica de um evento da Convenção Paleontológica da América do Norte. A sessão foi chamada de "Novos usos para os mortos: contribuições paleobiológicas para paleobiologia da conservação", e o termo foi empregado pela primeira vez em uma publicação científica por Simões e demais autores (2009).

A paleobiologia da conservação é, portanto, uma disciplina sintética que procura aplicar teorias e ferramentas analíticas da paleontologia para a solução de problemas relacionados à conservação da biodiversidade. Sua grande vantagem está atrelada ao fato de ser a única que possibilita a identificação de fenômenos que estão além da limitada escala de tempo das experiências humanas. Dados paleontológicos ou paleobiológicos são importantes, pois fornecem uma perspectiva a longo prazo sobre os sistemas modernos. Dessa forma, essa disciplina contribui para o desenvolvimento de políticas de conservação mais efetivas diante de um futuro incerto.

Existem duas abordagens complementares na paleobiologia da conservação. A primeira é denominada "abordagem near-time", ou seja, numa escala de tempo mais recente. Nesse caso, as abordagens estão concentradas em dados de um

passado mais recente – há poucos milhares de anos – para fazer extrapolações para a atualidade. A segunda abordagem é denominada "deep-time", numa escala de tempo mais profunda. Nesse caso, leva-se em conta a totalidade da história da vida como um laboratório ecológico e evolutivo natural.

Dados geo-históricos e sua importância

Na primeira metade da década dos anos 2000, alguns autores começaram a perceber que estudos sobre conservação da biodiversidade ainda estavam muito concentrados em escalas de tempo curtas, as quais variavam de poucos anos a décadas. Algumas das possíveis explicações para o uso limitado de dados geo-históricos por biólogos da conservação incluem a falta de conhecimento sobre a disponibilidade desses dados ou mesmo uma relutância em usá-los. Essa resistência está possivelmente associada à falta de confiança em extrapolar os dados geo-históricos para ações e políticas de conservação. Segundo críticos, pelo fato de esses dados não serem oriundos de experimentos replicados e bem controlados em laboratório, as interpretações se tornariam muito incertas, colocando em dúvida a adequabilidade de tais informações. Apesar de essas críticas serem válidas, estudos tafonômicos podem minimizar distorções sobre as interpretações do registro fossilífero. Experimentos em ambiente natural e em condições controladas de laboratório sobre a formação do registro fóssil são alguns exemplos que serão explicados adiante.

Os dados geo-históricos podem ser compreendidos em três grandes grupos: geoquímicos, litológicos e paleobiológicos

(Figura 1). Os dados geoquímicos incluem isótopos estáveis (como carbono, nitrogênio e oxigênio). Já os dados litológicos abrangem parâmetros ligados aos sedimentos, como tamanho dos grãos, estruturas sedimentares e traços fósseis. Por fim, os parâmetros paleobiológicos incluem tamanho e massa corporal, distribuição geográfica, estrutura trófica, abundância relativa e traços de DNA ou RNA preservados em fósseis.

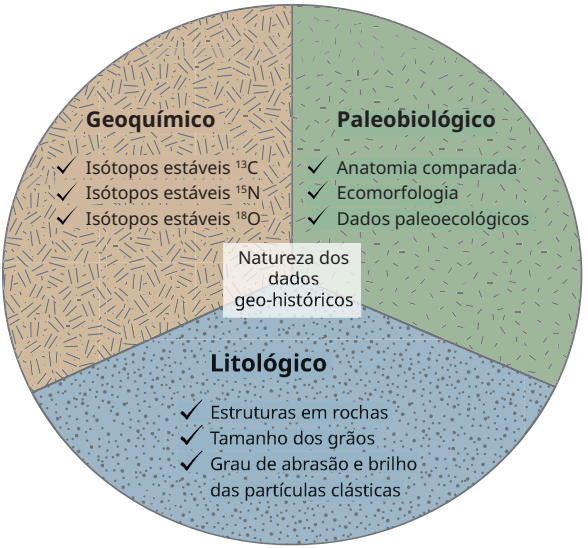


Figura 1: Diagrama que resume a natureza dos dados geo-históricos

Fonte: elaborado pelo autor.

Em suma, os dados geo-históricos, em conjunto com modelos matemáticos e dados ecológicos de natureza observacional e experimental, compõem um corpo de informações integradas e mais completas, que ajudarão os biólogos da

conservação a pensar nas melhores estratégias e ações de conservação em próximas décadas e séculos (Figura 2).

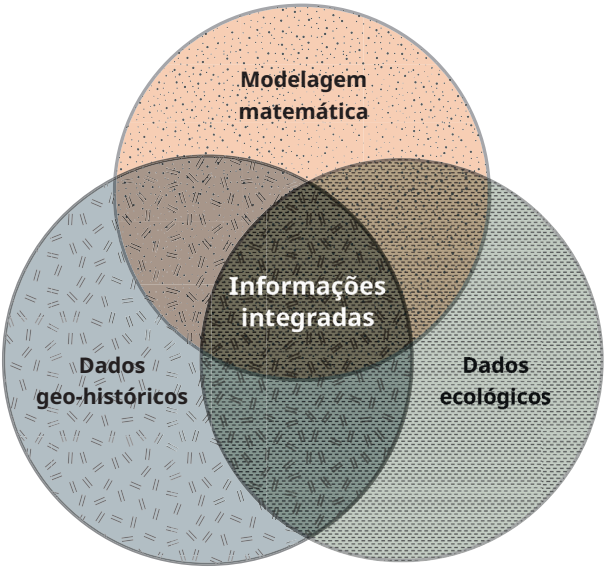


Figura 2: Diagrama indicando a sobreposição e integração dos dados geo-históricos, ecológicos e modelagens em paleobiologia da conservação

Fonte: elaborado pelo autor.

Tafonomia

A origem etimológica do termo “tafonomia” provém do grego *tafos*, que significa "sepultamento", e *nomos*, que significa "lei". Assim, tafonomia é uma disciplina da paleontologia e da arqueologia que objetiva o estudo e a compreensão dos processos de preservação e do modo como eles afetam a informação no registro fóssil (BEHRENSMEYER; KIDWELL, 1985).

Uma definição clássica dada por Efremov (1940) propõe que a tafonomia é o estudo da transição de restos animais da biosfera para a litosfera. No entanto, esse conceito se expandiu para incluir todos os tipos de restos orgânicos e seus vestígios. A tafonomia, enquanto ciência, pode servir como uma abordagem pragmática para entender a preservação do registro fossilífero e arqueológico, assim como um conceito-chave para uma busca mais ampla por conhecimento sobre processos de mudanças que estão sempre presentes no mundo natural (BEHENSMEYER et al., 2018).

Os estudos tafonômicos se ramificam em duas abordagens: bioestratinomia e diagênese dos fósseis (HOLZ; SIMÕES, 2002). A bioestratinomia se refere à história sedimentar dos restos de organismos até o momento de soterramento. Durante a fase bioestratinômica, estão envolvidas as etapas de morte, decomposição, desarticulação, transporte e soterramento dos restos. A diagênese dos fósseis, por sua vez, abrange os processos físicos, químicos e biológicos que alteram os restos dos organismos após o soterramento. Assim, a importância de estudos tafonômicos repousa na possibilidade de interpretar adequadamente uma assembleia fossilífera, no que diz respeito à sua gênese. Como consequência, informações paleobiológicas, paleoecológicas e paleoambientais podem ser acessadas.

Observações atualísticas nos permitem realizar extrapolações para o passado e identificar enviesamentos tafonômicos numa assembleia fossilífera. Esse é um ramo denominado tafonomia atualística ou tafonomia experimental. Simulações

e experimentos controlados, seja em laboratório ou ambiente natural, são atividades desse ramo da tafonomia.

Os tipos de danos tafonômicos que nos permitem identificar enviesamentos são classificados de acordo com sua natureza. Esses danos podem ser de origem física (abrasão e fragmentação), química (dissolução, precipitação e alteração de cor) e biológica (bioerosão, bioturbação e incrustação). Abrasão é o processo de desgaste dos restos, tais como ossos, dentes e conchas, resultando do atrito dos restos com o substrato em que se encontra, ou mesmo com a água circundante. Um exemplo é o desgaste físico observado em ossos e conchas transportados em ambientes fluviais. O contato com o sedimento, como areias, seixos e cascalhos, num ambiente de alta energia, provoca um desgaste nas bordas dos elementos esqueléticos, dando um aspecto de polimento e arredondamento ao material. Em ambientes marinhos, conchas de moluscos tendem a perder sua ornamentação à medida que os processos abrasivos são mais intensos.

A fragmentação dos restos é um outro processo que pode estar relacionado a ambientes de alta energia. Isso vai depender da natureza do esqueleto, do tipo de organismo e do ambiente. Em geral, os ossos podem sofrer fraturas ao serem transportados em ambientes de alta energia, como pelos rios, mas também podem ser fragmentados por pisoteamento de outros animais, ação de predadores, carniceiros ou mesmo pela ação humana. Os padrões de fraturas também dão indícios sobre a história da partícula bioclástica. Ossos recentes ou frescos são bastante resistentes a quebras ou fraturas. Caso um osso longo fresco (fêmur, tíbia, úmero, rádio, ulna)

seja fragmentado na região da diáfise (centro do osso), ele apresentará um padrão de fratura irregular e pontiagudo. Esse padrão se dá pela presença de fibras colágenas, que dão resistência ao osso. No entanto, com a perda de colágeno e a precipitação de minerais em sua estrutura interna, os ossos podem ser fraturados mais facilmente. Nesse caso, as bordas da região fraturada exibirão padrões mais regulares.

Outros sinais de origem física sobre a superfície dos ossos, como marcas de estrias ou rachaduras, indicam estágios de intemperismo (Figura 3). Essas rachaduras resultam da exposição aérea de ossos à radiação solar, variações de temperatura (mais altas durante o dia e mais baixas durante à noite) e umidade. Em geral, todos esses fatores contribuem para a perda de fibras colágenas dos ossos, o que torna o osso mais friável e suscetível à desintegração. Assim, quanto maior a quantidade de rachaduras e estrias na superfície óssea, mais avançado deve ser seu estágio de intemperismo.

Quanto aos processos de origem química, a dissolução resulta de um desequilíbrio químico entre a água circundante e o resto esquelético. Em geral, ambientes com solução mais ácida dissolvem os restos esqueléticos, mas também facilitam a precipitação de alguns minerais. O aumento dos níveis de CO_2 na água, devido ao processo de decomposição de matéria orgânica, eleva os níveis de acidez. A precipitação ocorre nos pontos em que há uma supersaturação, geralmente de carbonato de cálcio, material que atua como cimento, agregando restos de bioclastos. Esse processo é comum em ambientes marinhos e no interior de cavernas calcárias. A alteração de cor é um processo que também ocorre em elementos

esqueléticos depositados em ambientes subaquáticos. Essa alteração de coloração pode ser correlacionada à precipitação de minerais (POKINES; HIGGS, 2015). Por exemplo, ossos depositados em fundos de rios ou lagos apresentam uma coloração que varia de preto, marrom ou avermelhado. Tais padrões podem estar associados à precipitação de grupos de minerais contendo ferro.

Por fim, a bioerosão é um dos principais processos de origem biológica. Trata-se de um conjunto de interações biogeoquímicas que alteram os bioclastos. Os principais agentes causadores de bioerosão incluem as algas, fungos, bivalves, gastrópodes e os artrópodes.

A ação de vertebrados também pode ser considerada um tipo de bioerosão. Por exemplo, pequenos mamíferos frequentemente são presas de corujas. Durante a digestão, as corujas não conseguem dissolver os ossos e pelos, restos regurgitados pelas corujas. O fato importante aqui é que os restos ósseos apresentarão sinais de corrosão química ocasionados pela ação do ácido gástrico. A incrustação é um outro processo de origem biológica, que pode ser definido como o estabelecimento de um organismo sobre outro. A incrustação biológica é um processo comum em ambiente marinho, em que as conchas de moluscos são incrustadas por foraminíferos, cracas ou outros moluscos.

Todos os exemplos supracitados mostram as informações fornecidas por observações de simples feições macroscópicas a respeito de antigos ambientes de deposição. Aqui, foram mencionados apenas alguns exemplos de invertebrados e

vertebrados, mas há feições específicas para cada grupo de organismos que podem ser associadas a contextos de deposição distintos. Tudo isso exemplifica, apenas parcialmente, a importância da tafonomia como ferramenta para compreender paleoambientes. Nas próximas sessões, alguns estudos de caso mostrarão de forma mais clara a relação de dados geo-históricos com a conservação da biodiversidade.

Fragmento de osso de mamífero não identificado

Fragmento de costela

Figura 3: Fragmentos de fósseis de mamíferos. À esquerda, osso longo não identificado com maior grau de abrasão física e arredondamento das bordas. À direita, fragmento de costela de mamífero. As setas indicam marcas de estrias e rachaduras

Fonte: elaborado pelo autor.

Dados geoquímicos

Conforme o mencionado previamente, a natureza dos dados geoquímicos está baseada principalmente na razão

isotópica de elementos químicos. Isótopos são elementos que possuem o mesmo número atômico, ou seja, mesmo número de prótons, mas diferentes números de nêutrons. Para exemplificar, pensemos nos isótopos de carbono. As versões do elemento carbono são bastante variadas, mas os isótopos ^{12}C e ^{13}C são os de maior interesse para nossa discussão. Os isótopos de carbono podem ser usados para inferir a paleodieta em fósseis. Primeiramente, é preciso compreender algumas das diferenças fisiológicas entre as plantas. As plantas podem ser classificadas fisiologicamente em três grupos, de acordo com as rotas bioquímicas tomadas durante a fotossíntese. Plantas do tipo C_3 são geralmente adaptadas a ambientes mais úmidos, nos quais há abundância de água, e por essa razão essas plantas esbanjam água durante seus processos metabólicos. As plantas C_4, por outro lado, são mais bem adaptadas para viver em ambientes secos, pois tendem a ser econômicas no uso de água. Por fim, as plantas CAM também são adaptadas a ambientes secos. Algumas das consequências desses padrões bioquímicos são as diferentes razões isotópicas incorporadas na biomassa dessas plantas. As plantas C_3 apresentam valores da razão $^{13}C/^{12}C$ (ou apenas $\delta^{13}C$), dada em partes por mil, muito baixos (entre -20‰ e -35 ‰). Já as plantas C_4 apresentam valores mais altos (entre -9‰ e -15 ‰), enquanto os valores das plantas CAM podem ser intermediários (DEINES, 1980).

Quando os animais herbívoros se alimentam das plantas, eles incorporam a mesma razão de isótopos das plantas que consumiram. Por isso, é possível realizar inferências sobre seus hábitos alimentares. Diversos trabalhos sobre ecologia isotópica têm sido publicados nos últimos anos.

Muitos desses trabalhos versam sobre a paleodieta de preguiças e tatus gigantes, ungulados e grandes carnívoros, incluindo diversos fósseis do Brasil (DANTAS et al., 2017; DANTAS et al., 2019).

Recentemente, um dos presentes autores realizou a datação radiométrica e a análise de isótopos de carbono num fóssil de preguiça gigante da região do Vale do Ribeira, localizado no estado de São Paulo (OLIVEIRA, 2018). Os resultados indicaram valores baixos da razão isotópica de $\delta^{13}C$ (-21.8 ‰), o que é compatível com uma dieta composta majoritariamente por plantas C_3. Os valores são compatíveis também com ambientes onde há um certo estresse hídrico, como florestas estacionais. Além disso, a idade obtida para o fóssil foi de aproximadamente 13 mil anos. Atualmente, a região do Vale do Ribeira apresenta uma densa floresta tropical úmida. O que pode ser concluído a partir da análise desse fóssil é que, há 13 mil anos, as condições eram diferentes das atuais, com clima possivelmente um pouco mais seco. Essas interpretações estão de acordo com pesquisas de outros autores, que apontavam para um período de transição de climas mais úmidos para mais secos naquela região, em torno de 13 mil anos Antes do Presente (AP).

A razão dos isótopos de $\delta^{15}N$ num organismo fóssil pode nos fornecer informações sobre vários aspectos. Alguns autores (BOCHERENS; DRUCKER, 2003; ROBBINS et al., 2005; LEICHLITER et al., 2021) afirmam que o isótopo estável ^{15}N dos ossos de mamíferos pode ser útil para indicar o nível trófico. Para Robinson (2001), há um enriquecimento entre + 1 ‰ e + 6 ‰ em cada nível trófico. Em geral, os mamíferos que se

alimentam de proteína animal (carnívoros ou insetívoros) mostrarão valores de $\delta^{15}N$ mais altos que os herbívoros. No entanto, outros quatro fatores que afetam essa razão isotópica são: estresse hídrico, estresse proteico, idade biológica e fisiologia.

Um outro tipo de abordagem isotópica comumente aplicada é a razão $^{18}O/^{16}O$ ($\delta^{18}O$), que pode variar de acordo com condições ambientais. O isótopo ^{16}O é mais leve que o ^{18}O, sendo, portanto, mais facilmente transportado da água do mar para a atmosfera durante a evaporação. Por essa razão, os vapores de água na atmosfera possuem maior teor de ^{16}O. Apesar desse fracionamento durante a evaporação, o balanço entre os dois isótopos se mantém em períodos não glaciais, pois esse vapor retorna relativamente rápido para os oceanos por meio das precipitações, mesmo que elas ocorram no continente.

Durante períodos de glaciação, a água evaporada nas regiões intertropicais se move para regiões de alta latitude, em que são armazenadas em forma de gelo (calotas polares) com altos teores de ^{16}O. Como resultado, há um enriquecimento de ^{18}O nas águas marinhas. Em períodos mais quentes (interglaciais), ocorre o degelo dessa água enriquecida com ^{16}O, que se mistura novamente com o oceano. Esse degelo leva, portanto, ao aumento de ^{16}O nas águas marinhas. Os valores da razão $^{18}O/^{16}O$ presente em testas de foraminíferos, conchas de moluscos ou outros organismos carregam informações a respeito do paleoclima e outras condições paleoambientais em que esses organismos viveram.

Segundo alguns autores, o período Cretáceo foi um momento de temperaturas quentes, sem calotas permanentes de gelo (STARLEY; THOMPSON; BARRON, 1981). Algumas estimativas chegaram a propor que as temperaturas dos fundos dos oceanos estavam entre 10 e 15°C, muito mais quente que atualmente. Por isso, os valores de $\delta^{18}O$ obtidos a partir de carapaças de ostracodes do Cretáceo mostram variações de temperaturas entre águas mais quentes e mais amenas. Outros fatores ambientais, como salinidade, também possuem correlação com a razão isotópica de $\delta^{18}O$. Conforme mencionado, altas temperaturas favorecem uma maior evaporação e, portanto, o enriquecimento de ^{16}O no vapor d'água e enriquecimento de ^{18}O na água do mar. Com uma maior taxa de evaporação da água do mar, ocorre o aumento da salinidade. Por essa razão, é possível fazer estimativas de paleotemperaturas, correlacionando altas temperaturas com um alto grau de salinidade em águas oceânicas.

Dados litológicos

Os dados litológicos podem fornecer informações muito valiosas sobre os ambientes de deposição. Os sedimentos clásticos, tais como partículas de areia, silte e argila, são depositados em ambientes bastante variados. Em geral, em ambientes com alta energia, como nos rios, há um maior número de seixos, cascalhos e areias grossas, pois esse tipo de material pode ser transportado pela força da correnteza. À medida que a correnteza perde força e velocidade, as partículas mais pesadas são depositadas no leito fluvial e as mais leves continuam sendo transportadas pela água. Nesse processo de transporte, as partículas tornam-se mais

polidas e arredondadas, devido ao desgaste físico ocasionado pelo atrito entre as próprias partículas (Figura 4). Quando ambientes de deposição fluvial são preservados no registro geológico, podemos observar todas essas características no sedimento. Em adição, antigos canais fluviais podem ser identificados ao observarmos um padrão de estratificação das camadas do tipo cruzada acanalada.

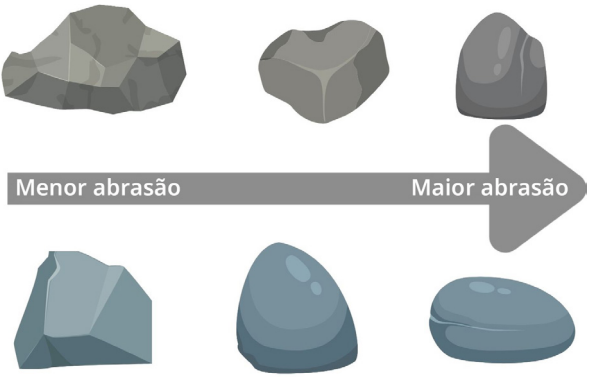


Figura 4: Diferentes graus de abrasão em partículas
Fonte: elaborado pelo autor.

Em ambientes de baixa energia, como fundo de lagos ou regiões muito profundas dos oceanos, os sedimentos muito finos, como silte e argila, depositam-se formando camadas paralelas. As rochas formadas a partir da deposição desses sedimentos apresentam feições muito características, como estratificação plano-paralela, às vezes com alternância de camadas de silte e argila. Um exemplo desse tipo de rocha pode ser visto no Parque do Varvito, localizado em Itu, no estado de São Paulo. Lá, há rochas formadas no leito de um antigo

lago glacial, datado entre 360 e 270 milhões de anos. Alguns seixos grandes podem ser observados em meio às camadas de argila, silte e areia, o que é interpretado como evidência de glaciação, pois partículas muito grandes podem ser carreadas para lagos glaciais por meio do deslizamento dos blocos de gelo que flutuaram sobre esses lagos. Com o degelo, as partículas maiores foram liberadas no fundo do lago.

Nos ambientes desérticos, é comum que o processo abrasivo gere um aspecto fosco nas partículas de areia. Uma aparência mais brilhante geralmente está presente nas partículas de ambientes aquáticos. O ventifacto é outro tipo de partícula comum de desertos. Esses clastos são seixos que apresentam duas ou mais faces planas. Tais estruturas são ocasionadas pela ação abrasiva dos grãos de areia carreados pelos ventos. Quando dunas de areias são preservadas no registro geológico, é possível identificá-las por padrões de estratificações do tipo cruzada.

Os exemplos citados são apenas algumas das várias formas de obter informações sobre os paleoambientes por meio das rochas e sedimentos. Várias outras estruturas e feições podem ser identificadas no registro geológico e informam sobre processos físico-químicos e condições ambientais pretéritas (PRESS et al., 2006). Dessa forma, o que foi reportado neste item compõe uma fração muito pequena sobre a natureza dos dados litológicos.

Dados paleobiológicos e paleoecológicos

Os dados geoquímicos – que já foram mencionados neste capítulo – revelam que é possível obter informações

paleoecológicas a partir dos fósseis. Contudo, há outras maneiras de obter essas informações por meio de estudos morfológicos, pela anatomia comparada e pela ecomorfologia, por exemplo. Assim, é possível conhecer hábitos, comportamentos e hábitats explorados com base na forma dos organismos.

Para fornecer exemplos práticos, é possível analisar a anatomia e a morfologia de alguns vertebrados. Os Xenarthra são um grupo de mamíferos atualmente representados pelos tamanduás, tatus e preguiças arborícolas. Existiram outros Xenarthras que viveram durante a época do Pleistoceno (entre 2,5 milhões e 11,7 mil anos AP), que apresentavam diferentes formas, hábitos de vida e preferências alimentares. Muitos desses fósseis já foram encontrados em todo o continente americano, inclusive no Brasil. No estado de Minas Gerais, por exemplo, muitos fósseis de preguiças gigantes, tatus e gliptodontes têm sido encontrados no interior de cavernas calcárias. Dito isso, como podemos saber qual era a base alimentar ou o comportamento desses animais? Em geral, podemos observar algumas características, como o formato dos dentes ou das mandíbulas e maxilas superiores, e, a partir disso, inferir se tinham alguma preferência por comer folhas e frutos ou gramíneas.

No que diz respeito aos modos de exploração de substrato, os membros locomotores são bastante informativos. Por exemplo, o osso do úmero em tatus atuais apresenta uma série de características indicativas de sua alta habilidade de escavar tocas. Quando observamos o úmero de preguiças arborícolas, podemos perceber um padrão morfológico bem

distinto. Enquanto os tatus possuem cristas bem desenvolvidas, em que se inserem músculos mais desenvolvidos, as preguiças arborícolas apresentam um úmero bastante delgado, sem cristas desenvolvidas, com a cabeça do úmero bastante conspícua (Figura 5). Essas características são adaptações ao hábito arborícola do tipo suspensívoro. Para esse estilo de vida, exige-se maior liberdade para movimentar os membros superiores. Não apenas o úmero, mas outros ossos, como rádio e fêmur, são informativos a esse respeito.

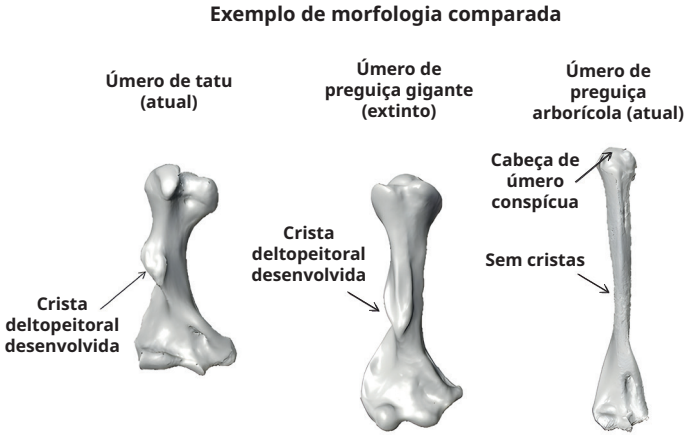


Figura 5: Úmeros de diferentes Xenarthras (atuais e extintos), com indicativo de características morfológicas específicas

Fonte: elaborado pelo autor.

Outras características dos membros locomotores podem indicar se aqueles animais eram bons corredores (cursoriais), escaladores, nadadores etc. Quando comparamos a morfologia óssea dos membros locomotores das preguiças gigantes com seus parentes atuais (tatus, tamanduás e preguiças arborícolas) podemos ter alguma noção de como esses animais se

comportavam. As preguiças, por serem animais de grande porte e apresentarem características morfológicas similares às de tatus e tamanduás, possivelmente eram animais que também tinham alguma habilidade para construir tocas, escavar o substrato em busca de alimentos e até mesmo escalar ou nadar. As espécies menores de preguiças-gigantes, como o *Nothrotherium* (tamanho similar ao de uma anta atual), provavelmente eram semiarborícolas, um hábito que hoje podemos verificar no tamanduá-mirim.

O tamanho e a massa corporal dos indivíduos, distribuição geográfica, estrutura trófica, riqueza e abundância relativa de paleopopulações, além de traços de DNA ou RNA preservados em fósseis, são outros parâmetros paleobiológicos e paleoecológicos que podem fornecer muitas informações.

Aplicação da paleobiologia da conservação: estudos de caso

Quando falamos em conservação da biodiversidade, assumimos que há ameaças à sua existência intimamente ligadas às ações antrópicas, como a fragmentação de hábitats e as mudanças climáticas. No entanto, para que possamos ter uma visão holística e de longo prazo sobre o comportamento das espécies, diante de vários tipos de perturbações ambientais, é importante olharmos para as experiências passadas. Quando mudanças ambientais ocorrem, os organismos respondem a elas das mais variadas formas. Eles podem sofrer adaptações fenotípicas, migrarem para regiões mais favoráveis ou simplesmente desaparecerem.

Dietl e Flessa (2011) fizeram uma compilação de trabalhos paleobiológicos que ajudaram a compreender melhor a resposta de alguns organismos frente a mudanças climáticas e, outras, ambientais. Em alguns casos, esses estudos foram importantes na tomada de decisões sobre ações de conservação, como veremos a seguir.

Bruzgul e demais autores (2005), ao estudarem restos ósseos de salamandras da espécie *Ambystoma tigrinum*, encontrados na caverna Lamar – Yellowstone National Park, nos Estados Unidos – e datados de 3 mil anos AP, perceberam que essa espécie é capaz de explorar histórias de vida alternativas em resposta às mudanças ambientais. Em momentos de maior umidade, as formas pedomórficas eram mais abundantes nas populações, enquanto as formas metamorfoseadas eram mais abundantes nos períodos mais secos. Formas pedomórficas são aquelas que mantêm as características larvais e atingem a maturidade sexual, podendo, portanto, reproduzir-se. Nesse caso, como a forma larval é mantida, esses animais ficam restritos ao ambiente aquático. As formas que passam pela metamorfose completa vivem parte da sua vida adulta em ambiente terrestre. Por essa razão, em momentos mais secos e quentes – período em que predominavam as formas terrestres – havia maior taxa de fluxo gênico entre populações. Em adição, foi verificado um aumento no tamanho corporal dos indivíduos.

Currano e demais autores (2008) compararam a intensidade de herbivoria de insetos sobre as folhas de angiospermas da Bacia de Bighorn, no estado de Wyoming, nos Estados Unidos, datados antes, durante e depois do evento Máximo

Termal do Paleoceno/Eoceno (em torno de 55,8 milhões de anos AP). Os resultados mostraram que a intensidade de herbivoria aumentou significativamente durante os períodos de maior aquecimento do planeta.

Os casos supracitados são interessantes, visto que nos dão informações sobre as alterações das relações ecológicas diante do aquecimento global, fato defendido pela maioria dos especialistas. Esses exemplos nos mostram o quanto algumas espécies são resilientes às mudanças ambientais, sofrendo mudanças fenotípicas ou comportamentais.

Outra forma de as espécies se manterem no "jogo ecológico", em face de mudanças ambientais, é por meio das migrações. Esse foi o caso observado por Greenstein e Pandolf (2008) ao estudarem fósseis de corais do Pleistoceno da Costa Oeste da Austrália. Corais, especialmente da família dos Acroporidae, migraram de regiões mais ao norte para os trópicos em resposta à redução das temperaturas (cerca de 2°C) de águas marinhas superficiais, desde o período interglacial há cerca de 120 mil anos AP.

Por outro lado, muitas espécies são menos resilientes e mais propensas a entrarem em extinção diante de perturbações ambientais. A extinção da megafauna do Quaternário (preguiças gigantes, tatus, gliptodontes, ursos, tigres-dente-de-sabre, entre outros) é um evento bastante debatido na comunidade científica no que diz respeito às suas causas. A hipótese "*overkill*" sugere que, após a chegada dos primeiros humanos no continente americano pelo estreito de Bering, em torno de 15 mil anos AP, a megafauna teria sido caçada por

esses grupos (MARTIN, 1973). Isso teria levado, a longo prazo, à extinção dos grandes mamíferos. Vários pontos favoráveis e contrários podem ser levantados em relação a essa hipótese.

Uma hipótese igualmente interessante é a de mudanças climáticas. Nesse caso, advoga-se que a megafauna teria sido extinta em função de mudanças climáticas. Durante o período Quaternário, houve eventos de glaciações que fizeram com que as temperaturas médias do planeta caíssem abaixo das médias atuais (16°C). São conhecidos entre quatro e seis eventos de glaciação durante o Quaternário, intercalados por períodos de aquecimento, também chamados de períodos interglaciais. O último período glacial finalizou entre 11 e 10 mil anos AP. Muitos autores entendem que foi durante o final do último período glacial que a megafauna se extinguiu. A relação causal entre esses eventos está associada ao fato de o resfriamento global também ter como consequência a redução de florestas tropicais úmidas e a expansão de florestas secas, savanas e áreas abertas em geral. Quando ocorre o aquecimento, o clima se torna mais úmido e as florestas voltam a dominar as paisagens nas regiões intertropicais. Esse processo de expansão e retração de florestas teria levado à extinção dos grandes mamíferos, que não conseguiram se adaptar às mudanças climáticas num curto intervalo de tempo.

Atualmente, vários autores entendem que não apenas uma ou outra causa teria levado à extinção da megafauna, mas uma confluência dessas e outros possíveis motivos (doenças, introdução de espécies exóticas ou catástrofes locais) (STURAT, 2014; VILLAVICENCIO et al., 2016; BROUGHTON; WEITZEL, 2018). A

discussão se concentra no quanto cada uma dessas causas interferiu na extinção da megafauna. Na América do Norte e na Austrália, é bastante aceita a ideia da caça como agente principal da extinção. Já na América do Sul, Europa e Ásia, as causas climáticas parecem ser mais convincentes. Contudo, independentemente das motivações, algo que parece claro quando olhamos as extinções do Quaternário Tardio é que grandes animais sofrem maior perda de diversidade. Boyer (2008), ao estudar os padrões de extinções da avifauna das ilhas do Havaí, percebeu que as aves de grande porte, não voadoras e que nidificam no chão, são mais propensas à extinção. Em alguns casos, mesmo espécies de porte menor, como a raposa do ártico (*Alopex lagopus*), não são capazes de traçar rotas migratórias e nem de mudar seu fenótipo. Isso pode culminar em sua extinção, que ocorreu com populações de raposa do ártico que viviam na Europa no final do Pleistoceno (cerca de 11,7 mil anos AP).

Finalmente, os dados geo-históricos podem ser decisivos para evitar que atitudes equivocadas sejam tomadas. Van Leeuwen e demais autores (2008) aplicaram dados geo-históricos para identificarem espécies não nativas e invasoras na Ilhas Galápagos. Ao analisarem o registro fóssil de plantas e grãos de pólen, perceberam que pelo menos seis espécies não nativas estavam de fato presentes nessas ilhas antes da chegada do ser humano no local. Essas informações foram muito importantes, visto que a prioridade de conservação nas Ilhas Galápagos era a remoção de prováveis espécies invasoras.

Desafios

Diante do exposto, fica clara a importância dos dados geo-históricos. No entanto, eles raramente são considerados em políticas de conservação. Para que esse quadro seja diferente, é necessário que os dados geo-históricos sejam traduzidos para uma forma aplicável à conservação da biodiversidade. Um dos grandes desafios, portanto, dos paleobiólogos da conservação, é aprender a trabalhar em conjunto com agências, Organizações Não Governamentais (ONGs) e empresas para que esses dados tenham impactos nas políticas de conservação. Assim, é fundamental, primeiramente, aprendermos quais dados são mais importantes para esse propósito e, depois, traduzi-los para que sejam aplicados aos problemas reais de conservação da biodiversidade.

REFERÊNCIAS

BARNOSKY, Anthony D. *et al.* Merging paleobiology with conservation biology to guide the future of terrestrial ecosystems. **Science**, v. 355, n. 6325, p. 1-11, 2017. Disponível em: https://www.science.org/doi/10.1126/science.aah4787. Acesso em: 12 jan. 2023.

BEHRENSMEYER, Anna K.; DENYS, Christiane; BRUGAL, Jean-Philip. What is taphonomy and what is not? **Historical Biology**, v. 30, n. 6, p. 718-719, 2018. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/08912963.2018.1432919. Acesso em: 12 jan. 2023.

BEHRENSMEYER, Anna K.; KIDWELL, Susan M. Taphonomy's Contributions to Paleobiology. **Paleobiology**, v. 11, n. 1, p. 105-119, 1985. Disponível em: https://www.jstor.org/stable/2400427. Acesso em: 12 jan. 2023.

BOCHERENS, Hervé; DRUCKER, D. Trophic level isotopic enrichment of carbon and nitrogen in bone collagen: case studies from recent and ancient terrestrial ecosystems. **International Journal of Osteoarchaeology**, v. 13, n. 1-2, p. 46-53, 2003. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/oa.662. Acesso em: 12 jan. 2023.

BOYER, Alison G. Extinction patterns in the avifauna of the Hawaiian islands. **Diversity and Distributions**, v. 14, n. 3, p. 509-517, 2008. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1472-4642.2007.00459.x. Acesso em: 12 jan. 2023.

BROUGHTON, Jack M.; WEITZEL, Elic M. Population reconstructions for humans and megafauna suggest mixed causes for North American Pleistocene extinctions. **Nature Communications**, v. 9, n. 1, p. 5441, 2018. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41467-018-07897-1. Acesso em: 12 jan. 2023.

BRUZGUL, Judsen E.; LONG, Webb; HADLY, Elizabeth A. Temporal response of the tiger salamander (Ambystoma tigrinum) to 3,000 years of climatic variation. **BMC Ecology**, v. 5, n. 1, p. 7, 2005. Disponível em: https://bmcecol.biomedcentral.com/articles/10.1186/1472-6785-5-7. Acesso em: 12 jan. 2023.

CURRANO, Ellen D. *et al.* Sharply increased insect herbivory during the Paleocene-Eocene Thermal Maximum. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 105, n. 6, p. 1960-1964, 2008. Disponível em: https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.0708646105. Acesso em: 12 jan. 2023.

DANTAS, Mário André Trindade *et al.* Isotopic paleoecology of the Pleistocene megamammals from the Brazilian Intertropical Region: Feeding ecology (δ13C), niche breadth and overlap. **Quaternary Science Reviews**, v. 170, p. 152-163, 2017. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0277379117300616. Acesso em: 12 jan. 2023.

DANTAS, Mário André Trindade *et al.* Isotopic paleoecology (δ13C) of mesoherbivores from Late Pleistocene of Gruta da Marota, Andaraí, Bahia, Brazil. **Historical Biology**, v. 33, n. 5, p. 643-651, 2019. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/08912963.2019.1650742. Acesso em: 12 jan. 2023.

DEINES, P. The isotopic composition of reduced organic carbon. In: FRITZ, P.; FONTES, J. C. (org.). **Handbook of Environmental Isotope Geochemistry**. Admsterdam: Elsevier, 1980, p. 329-406.

DIETL, Gregory P.; FLESSA, Karl W. Conservation paleobiology: putting the dead to work. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 26, n. 1, p. 30-37, 2011. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21035892/. Acesso em: 12 jan. 2023.

DIETL, Gregory P. *et al.* Conservation Paleobiology: Leveraging Knowledge of the Past to Inform Conservation and Restoration. **Annual Review of Earth and Planetary Sciences**, v. 43, n. 1, p. 79-103, 2015. Disponível em: https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-earth-040610-133349. Acesso em: 12 jan. 2023.

FLESSA, Karl W. Conservation paleobiology. **American Paleontology**, v. 10, n. 1, p. 2-5, 2002.

GREENSTEIN, Benjamin J.; PANDOLFI, John M. Escaping the heat: range shifts of reef coral taxa in coastal Western Australia. **Global Change Biology**, v. 14, n. 3, p. 513-528, 2008. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-2486.2007.01506.x. Acesso em: 12 jan. 2023.

LEICHLITER, Jennifer N. *et al.* Nitrogen isotopes in tooth enamel record diet and trophic level enrichment: Results from a controlled feeding experiment. **Chemical Geology**, v. 563, p. 120047, 2021. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0009254120305866. Acesso em: 12 jan. 2023.

MARTIN, P. S. The Discovery of America: The first Americans may have swept the Western Hemisphere and decimated its fauna within 1000 years. **Science**, v. 179, n. 4077, p. 969-974, 1973. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17842155/. Acesso em: 12 jan. 2023.

OLIVEIRA, Alessandro M. de. **Megafauna Cenozóica do continente americano:** considerações sobre ecomorfologia, paleoecologia, evolução e paleobiogeografia. Universidade Federal do ABC, Santo André, 2018. Disponível em: https://docplayer.com.br/169913449-Cenozoic-megafauna-from-the-american-continent-insights-on-ecomorphology-paleoecology-evolution-and-paleobiogeography.html. Acesso em: 12 jan. 2023.

POKINES, James T.; HIGGS, Nicholas. Macroscopic Taphonomic Alterations to Human Bone Recovered from Marine Environments. **Journal of Forensic Identification**, v. 65, n. 6, p. 953-984, 2015.

PRESS, Frank *et al.* **Para entender a Terra**. Tradução de Rualdo Menegat. 4. ed. Porto Alegre: Bookman, 2006, p. 656.

ROBBINS, Charles T.; FELICETTI, Laura A.; SPONHEIMER, Matt. The effect of dietary protein quality on nitrogen isotope discrimination in mammals and birds. **Oecologia**, v. 144, n. 4, p. 534-540, 2005. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15800751/. Acesso em: 12 jan. 2023.

SIMÕES, Marcello G.; RODRIGUES, Sabrina C.; KOWALEWSKI, Michal. Bouchardia rosea, a vanishing brachiopod species of the Brazilian platform: taphonomy, historical ecology and conservation paleobiology. **Historical Biology**, v. 21, n. 3-4, p. 123-137, 2009. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/08912960903315559. Acesso em: 12 jan. 2023.

STUART, Anthony John. Late Quaternary megafaunal extinctions on the continents: a short review. **Geological Journal**, v. 50, n. 3, p. 338-363, 2015. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/gj.2633. Acesso em: 12 jan. 2023.

THOMPSON, Starley L.; BARRON, Eric J. Comparison of Cretaceous and Present Earth Albedos: Implications for the Causes of Paleoclimates. **The Journal of Geology**, 2015. Disponível em: https://www.journals.uchicago.edu/doi/10.1086/628577. Acesso em: 11 set. 2022.

TYLER, Carrie L.; SCHNEIDER, Chris L. An Overview of Conservation Paleobiology. *In*: TYLER, Carrie L.; SCHNEIDER, Chris L. (org.). **Marine Conservation Paleobiology**. Cham: Springer International Publishing, 2018, p. 1-10. (Topics in Geobiology). Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-319-73795-9_1. Acesso em: 28 jul. 2022.

VAN LEEUWEN, Jacqueline F. N. *et al.* Fossil pollen as a guide to conservation in the Galapagos. **Science**, v. 322, n. 5905, p. 1206, 2008. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19023075/. Acesso em: 12 jan. 2023.

VILLAVICENCIO, Natalia A. *et al.* Combination of humans, climate, and vegetation change triggered Late Quaternary megafauna extinction in the Última Esperanza region, southern Patagonia, Chile. **Ecography**, v. 39, n. 2, p. 125-140, 2016. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/ecog.01606. Acesso em: 12 jan. 2023.

CAPÍTULO 3

Genética da conservação: diversidade e estrutura genética como estratégias de conservação

Adelson Lemes da Silva Júnior

Marciane da Silva Oliveira

Wellington Ronildo Clarindo

Introdução

A perda da biodiversidade é uma crise silenciosa, que, além da iminente extinção de espécies, tem afetado toda uma cadeia de serviços ecossistêmicos, como conservação da água e do solo, regulação climática, dispersão de sementes de plantas, controle de pragas e doenças, bem como obtenção de bens e insumos para produção alimentícia, farmacêutica, civil, entre outros (SOL, 2020). Em busca de soluções, acordos mundiais foram realizados visando, em tese, à manutenção da biodiversidade global. Porém, as ações tomadas ainda têm sido incipientes frente às contínuas mudanças climáticas e aos diversos fatores antrópicos (HOFFMANN; SGRÒ; KRISTENSEN, 2017).

O clássico exemplo é o das florestas tropicais, que ocupavam grandes extensões contínuas e, atualmente, limitam-se a pequenos e espaçados fragmentos, demonstrando o quão agressiva tem sido a exploração ao longo dos anos (RIBEIRO et al., 2016). Entre os fatores para essa perda e degradação de hábitats, estão as expansões agrícola e urbana e as grandes instalações de empreendimentos, como hidrelétricas, portos e mineração, que têm representado grandes riscos a uma gama de espécies (BRASIL, 2022).

O maior impacto da fragmentação é a redução da diversidade genética. A diminuição do número total de indivíduos – que resulta na redução do tamanho da população – e o isolamento espacial dos remanescentes florestais têm tornado as espécies suscetíveis, limitando-as evolutivamente (STOWELL; PINZONE; MARTIN, 2017). A redução drástica do número de

indivíduos e do tamanho populacional favorece a ocorrência da deriva genética, que, por sua vez, é mais contundente em populações reduzidas. Esse processo evolutivo altera aleatoriamente as frequências alélicas, promovendo a fixação ou não de alelos e, consequentemente, a redução da variabilidade genética.

Soma-se a isso o fato de que, com a fragmentação, a migração de indivíduos entre as populações é dificultada ou mesmo impedida. Com a impossibilidade do fluxo gênico, há uma maior diferenciação entre as populações, resultando no isolamento. O fluxo gênico entre as populações atua em sentido contrário ao da deriva genética, e a sua ocorrência diminui a probabilidade de fixação ou de perda de alelos e pode levar à introgressão de genes e alelos de uma população para outra. Por isso, a migração contribui para o aumento da variabilidade genética. No entanto, com a ocorrência da deriva genética e a não ocorrência do fluxo gênico entre as populações da espécie, seus indivíduos tenderão à homogeneidade dentro das populações e à heterogeneidade entre elas (SANTOS; OLIVEIRA, 2020; TEMPLETON, 2011).

Com a perda da variabilidade genética e a ocorrência da seleção natural, como pragas, doenças e mudanças climáticas, as espécies e suas populações estarão ainda mais vulneráveis a eventos que podem levar à perda da capacidade de manutenção e reprodução, pois os genótipos que seriam mais adaptados às novas condições podem ter sido eliminados por deriva genética em gerações anteriores. O impacto dessa erosão genética poderá alterar todo o funcionamento presente e futuro da vida na Terra (CARVALHO et al., 2009).

Alguns estudos realizados com populações naturais têm demonstrado a importância de espécies-chave para o funcionamento ecossistêmico (DÍAZ-GARCÍA et al., 2017; WOODCOCK et al., 2019). Além disso, as populações naturais são fonte de variabilidade genética, permitindo, via melhoramento genético, a obtenção de novas combinações de interesse para o homem, como variedades mais produtivas, resistentes e adaptadas (FALEIRO, 2011).

Assim, esforços voltados à conservação das espécies e de suas populações naturais devem ser direcionados à proteção da diversidade genética em escala global (LAIKRE, 2010), uma vez que a variação genotípica é a grande responsável pela variação fenotípica dos indivíduos, manifestando-se em características de importância ecológica e econômica.

O conhecimento da diversidade e estrutura genética como estratégias de conservação

A conservação de espécies está intimamente associada às diferenças entre os seus indivíduos. Essas diferenças podem se dar através das variações fenotípicas, tornando necessário o conhecimento de como a variação dos genes (alelos) está envolvida na expressão de um determinado caráter (KAGEYAMA; GANDARA, 2004). Entretanto, a variação genética entre os indivíduos e/ou populações de uma mesma espécie está relacionada à composição alélica dos genótipos individuais e às diferenças de frequências desses alelos entre as populações. O somatório das variações hereditárias acumuladas durante o processo evolutivo de uma espécie é conhecido como diversidade genética (SANTOS et al., 2015).

Essas variações contidas no DNA genômico são essenciais para a manutenção das espécies nos ecossistemas ou hábitats naturais. Por outro lado, a perda dessas variações poderá acarretar diminuição da capacidade adaptativa das populações de uma determinada espécie diante de fatores estressantes (EL-ESAWI, 2019). Por exemplo, em ambientes com déficit hídrico, a presença ou a falta de variantes genéticas entre os indivíduos de espécies vegetais está diretamente relacionada à capacidade de sobrevivência e manutenção (Figura 1).

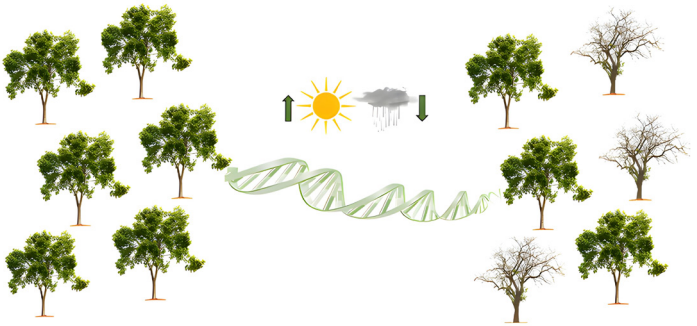


Figura 1: Representação da ocorrência de diversidade genética, favorecendo a manutenção de uma espécie florestal em condição de déficit hídrico

Fonte: elaborado pelos autores.

A distribuição dessa diversidade genética dentro e entre populações da espécie é denominada estrutura genética, moldada por fatores como histórico de vida, tamanho populacional, barreiras geográficas, gargalos, fluxo de genes, seleção natural e acúmulo de mutações. Portanto, permite

inferir a dispersão e delimitação de espécies e seus indivíduos, comportamentos de acasalamento e limites populacionais (JANES; BATISTA, 2016). Além disso, a diversidade e estrutura genética têm sido estrategicamente utilizadas na caracterização do *status* de conservação e na determinação da vulnerabilidade das espécies para que sejam implementadas medidas eficazes de manejo (LAIKRE, 2010).

Em estudo com a espécie arbórea *Plathymenia reticulata*, realizado em um fragmento de Floresta Atlântica, a diversidade e estrutura genética foram avaliadas e demonstraram que, apesar do histórico de vulnerabilidade e o corte seletivo de madeira ocorrente no local, não foi observada erosão genética, confirmando a capacidade de manutenção da espécie (SOUZA et al., 2017). A diversidade e estrutura genética também foram avaliadas para a espécie de mamagava (*Bombus pauloensis*), investigada ao longo do tempo por meio de espécimes de coleções datadas de 1933 a 2016 e comparadas com populações naturais ocorrentes na região Sul do Brasil. Os resultados evidenciaram a perda da diversidade genética da espécie ao longo dos anos e a necessidade urgente de políticas de conservação (MAEBE et al., 2019). Tal conhecimento só foi possível com o avanço das técnicas biotecnológicas, o advento da manipulação do ácido desoxirribonucleico (DNA) e a capacidade de acessar geneticamente regiões específicas e variáveis conhecidas como marcadores moleculares (GUIMARÃES et al., 2009).

Uso dos marcadores moleculares como ferramenta para estudos em genética da conservação

Os marcadores moleculares têm se mostrado uma ferramenta muito eficiente para captar as diferenças genéticas entre indivíduos e/ou a diversidade genética entre populações, diretamente do DNA. Os marcadores moleculares surgiram por volta de 1980 com a manipulação do DNA, por meio de técnicas de biologia molecular. Esses marcadores apresentaram vantagens sobre os morfológicos, ao fornecerem um número praticamente ilimitado de polimorfismos distribuídos ao longo do genoma (GUIMARÃES et al., 2009).

De acordo com Ferreira e Grattapaglia (1998), os marcadores moleculares são definidos como todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA, correspondente a regiões expressas ou não do genoma. Para fins de conservação, são utilizados em análises da distribuição geográfica da variabilidade, estudos de diversidade e estruturação genética, identificação de clones, linhagens, híbridos, cultivares, acessos duplicados, auxílio em trabalhos de classificação botânica e filogenia, seleção de genitores, construção de mapas genéticos, entre outros (FALEIRO, 2011).

Diferentes marcadores moleculares foram identificados a partir da manipulação do DNA e estão divididos quanto à tecnologia utilizada para seu desenvolvimento, ao objetivo de uso e à qualidade da informação gerada. Em relação à tecnologia para desenvolvimento, os marcadores podem ser baseados na hibridação com sondas específicas, pela

amplificação do DNA via reação em cadeia da polimerase (PCR) e em sequenciamento (Figura 2) (TURCHETTO-ZOLET et al., 2017).

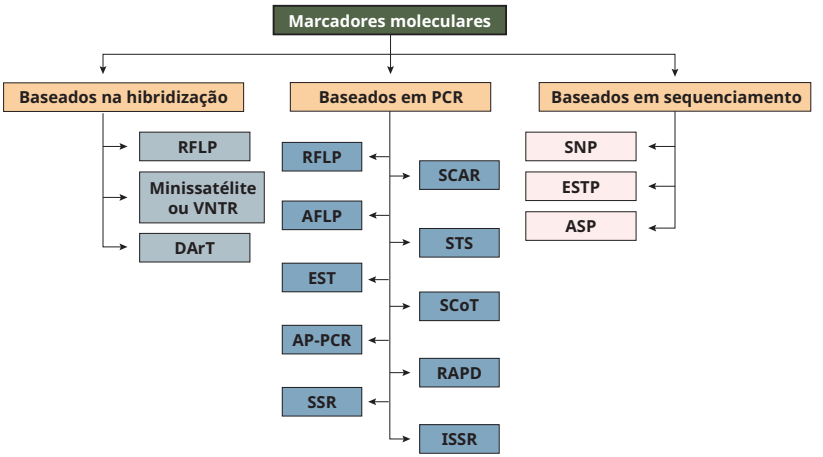


Figura 2: Marcadores moleculares separados de acordo com a tecnologia utilizada para seu desenvolvimento. RFLP: *Restriction Fragment length polymorphisms*; VNTR: *Variable number of tandem repeats*; DArT: *Diversity array technology*; SCAR: *Sequence characterized amplified region*; AFLP: *Amplified fragment length polymorphism*; STS: *Sequence tagged sites*; EST: *Expressed sequence tag*; SCoT: *Start codon targeted*; AP-PCR: *Amplified polymorphism – Polymerase chain reaction*; RAPD: *Random amplified polymorphic* DNA; SSR: *Simple sequence repeats*; ISSR: *Inter simple sequence repeats*; SNP: *Single nucleotide polymorphisms*; ESTP: *Expressed sequence tag polymorphism e*; ASP: *Allele specific polymorphism*

Fonte: elaborado pelos autores.

Para o objetivo de uso e qualidade da informação gerada, os marcadores podem ser classificados como dominantes e codominantes. A classe de marcadores dominantes não permite a diferenciação entre homozigotos e heterozigotos, no entanto, são considerados universais, capazes de

produzir múltiplos fragmentos de DNA em qualquer espécie (cada um dos quais é considerado um *loci*), sem a necessidade de conhecer previamente as sequências de DNA da região genômica (NG; TAN, 2015). A utilização desses marcadores está descrita em uma série de estudos (SILVA JÚNIOR et al., 2017; SOUZA et al., 2017; VIEIRA et al., 2022), e possui grande importância quando não há informações prévias sobre a espécie.

O uso de um tipo de marcador dominante, denominado Inter Simple Sequence Repeat (ISSR), está evidenciado em um estudo com variedades da cochonilha (*Kerria lacca*). Essa é uma espécie de inseto intensamente explorada devido à capacidade de produzir Lac, um componente comercialmente importante na produção de resina, corante e cera. Além disso, as atuais condições ambientais e a domesticação da espécie têm extinguido algumas de suas variedades. Os resultados demonstraram que a espécie ainda possui variabilidade genética significativa e que pode ser utilizada no melhoramento genético. Porém, assim como nos bancos de germoplasma, as condições de armazenamento são necessárias para conservar a variabilidade genética da espécie (SAHA et al., 2011).

Os marcadores codominantes, por outro lado, são aqueles em que duas ou mais formas podem ser discriminadas, ou seja, dividem-se em bialélicos ou multialélicos, ambos diferenciando indivíduos homozigotos e heterozigotos. Essa classe de marcadores é considerada específica para a espécie de interesse, com possibilidade limitada de transferência a outras espécies e alto grau de informatividade. Essa especificidade e capacidade de diferenciação dos genótipos têm favorecido a utilização desses marcadores, resultando em informações mais robustas

em estudos em que já se tenha ou não o conhecimento sobre a caracterização genética e o *status* de conservação das espécies (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Em estudo com a borboleta *Lycaena helle*, foram utilizados marcadores codominantes multialélicos, denominados microssatélites ou Simple Sequence Repeat (SSR), para avaliar a perda da diversidade genética em populações afetadas pelo aquecimento global. O uso dessa ferramenta revelou que os cenários previstos acerca desse fenômeno continuarão a reduzir a conectividade entre as populações. Contudo, medidas como a delimitação de áreas prioritárias e a criação de Unidades de Conservação são capazes de manter e restaurar gradualmente a diversidade da espécie (HABEL et al., 2011).

Atualmente, técnicas avançadas de identificação de marcadores moleculares estão disponíveis. São as Next-Generation Sequencing (NGS), traduzidas para o português brasileiro como o sequenciamento de nova geração. As novas tecnologias têm incorporado técnicas anteriormente descritas, como o método de Sanger, que utiliza a terminação de cadeia com dideoxinucleotídeos. Contudo, possuem capacidade expressivamente maior para gerar informação, com uma substancial economia de tempo e menor custo por base para o sequenciamento (CARVALHO; SILVA, 2010).

O método de Sanger foi descrito em 1977 pelo pesquisador Frederick Sanger e atua sobre fragmentos de DNA, determinando a ordem em que estão dispostas as bases nitrogenadas ao longo do material genômico dos organismos. Portanto, anteriormente ao próprio processo de sequenciamento, é

necessário que as longas sequências de DNA sejam extraídas, isoladas e posteriormente clivadas com enzimas de restrição. Em seguida, são realizadas etapas de multiplicação do DNA utilizando bactérias, clivagem com número de pares de bases (pb) específico e desnaturação da molécula nativa (CARVALHO; SILVA, 2010).

Dessa forma, o método de Sanger é realizado a partir de uma cadeia simples do DNA e se baseia na utilização de dideoxinucleotídeos (ddATP, ddGTP, ddCTP e ddTTP) como análogos aos deoxinucleotídeos padrões (dATP, dGTP, dCTP e dTTP), os quais, ao serem inseridos, interrompem a síntese da nova fita de DNA devido à ausência da hidroxila (OH), necessária para que o próximo nucleotídeo seja incorporado. Por fim, são utilizadas técnicas de eletroforese em gel para separação e visualização dos fragmentos, correspondentes às bases nitrogenadas (TURCHETTO-ZOLET et al., 2017).

Como mencionado anteriormente, as técnicas de NGS permitem o sequenciamento amplo do genoma em um curto espaço de tempo, graças à adoção da clonagem *in vitro* e de sistemas de suporte sólido para as unidades de sequenciamento, dispensando o intensivo trabalho laboratorial de produção de clones bacterianos, da montagem das placas de sequenciamento e da separação dos fragmentos em géis (CARVALHO; SILVA, 2010). Essa capacidade de maior abrangência, inclusive de genomas inteiros, simplificou o processo de isolamento de microssatélites, facilitando o desenvolvimento de alto rendimento de marcadores pela maior quantidade de regiões avaliadas. Além disso, espécies não modelos, pouco estudadas e com risco eminente de extinção podem ser

avaliadas de forma ampla, incluindo análises de Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNPs), caracterizados como polimorfismos específicos a diferenças em uma única posição no genoma, um único nucleotídeo (substituição, deleção ou inserção) (TURCHETTO-ZOLET et al., 2017).

Os SNPs são caracterizados como marcadores codominantes bialélicos, pois, tratando-se da avaliação em um único nucleotídeo, podem ser reconhecidos até dois alelos distintos (MORIN; LUIKART; WAYNE, 2004). Apesar do número reduzido de alelos identificados por *loco*, pesquisadores têm reconhecido esses marcadores, juntamente com o SSR, como sendo os mais eficientes atualmente para a realização de análises de diversidade genética e, principalmente, de estudos demográficos e evolutivos (HODEL et al., 2016). Em estudo com quatro populações da espécie *Rhododendron cyanocarpum*, uma pequena arbórea ameaçada de extinção, endêmica das montanhas Cangshan em Dali, província de Yunnan, sudoeste da China, a utilização de uma grande quantidade de marcadores SNPs foi capaz de gerar informações sobre a diversidade e estrutura genética das populações, além de informações históricas, como a detecção de mudanças no tamanho efetivo dessas populações (Ne) 150.000 anos atrás, incluindo um evento de gargalo há 60.000 anos (LIU et al., 2020).

Diante das características e funções aqui listadas, o uso dos marcadores moleculares como ferramenta para estudos em genética da conservação tem se destacado há décadas, fornecendo informações úteis na tomada de decisões, sem as quais um número sem precedentes de espécies estaria em estado de vulnerabilidade ou até mesmo extinta.

Informações obtidas a partir do emprego de marcadores moleculares no estudo da diversidade genética

A diversidade genética é definida como a mensuração que quantifica a magnitude da variabilidade genética presente numa população ou espécie. Ela é considerada um importante fator para a avaliação da conservação e o melhoramento genético. No entanto, para avaliar a diversidade genética, é necessário acessá-la e, para isso, são utilizados os marcadores genéticos, que têm sido amplamente empregados em estudos da ictiofauna, dada a importância econômica e ecológica desses animais.

Conforme apresentado no item anterior, existem marcadores moleculares dominantes e codominantes, sendo o acesso às informações dos genótipos inerentes aos marcadores. Dito isso, aqueles que são dominantes não apresentam sensibilidade para diferenciar o genótipo heterozigoto do homozigoto dominante, e esses dois genótipos são considerados uma só classe, ao passo que o genótipo homozigoto "recessivo" (aa) é identificado pela ausência da banda no gel (fenótipo nulo) (Figura 3). Ao analisar o gel, é feita a codificação binária de "1" e "0" para presença e ausência da banda, respectivamente.

A Figura 3 apresenta gel fotodocumentado para 30 indivíduos da espécie *Dalbergia nigra*, árvore conhecida popularmente como jacarandá da Bahia, empregando *primer* ISSR e marcador de peso molecular de 100 pb (M). A banda sobre a linha amarela é monomórfica, pois está presente em todos os indivíduos. Já a banda sobre a linha vermelha é polimórfica,

estando presente apenas nos indivíduos 15 e 22 e recebendo o código 1, enquanto os demais indivíduos receberam o código 0.

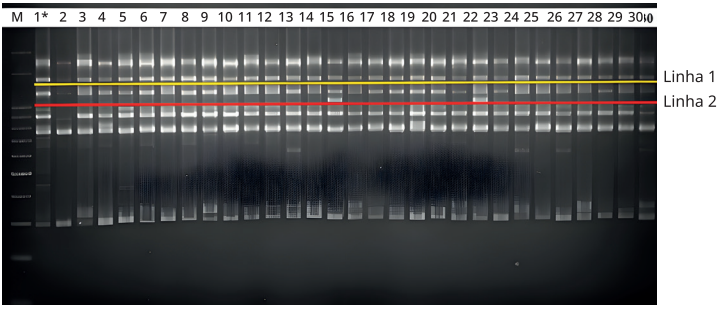


Figura 3: Gel fotodocumentado para 30 indivíduos da espécie *Dalbergia nigra*

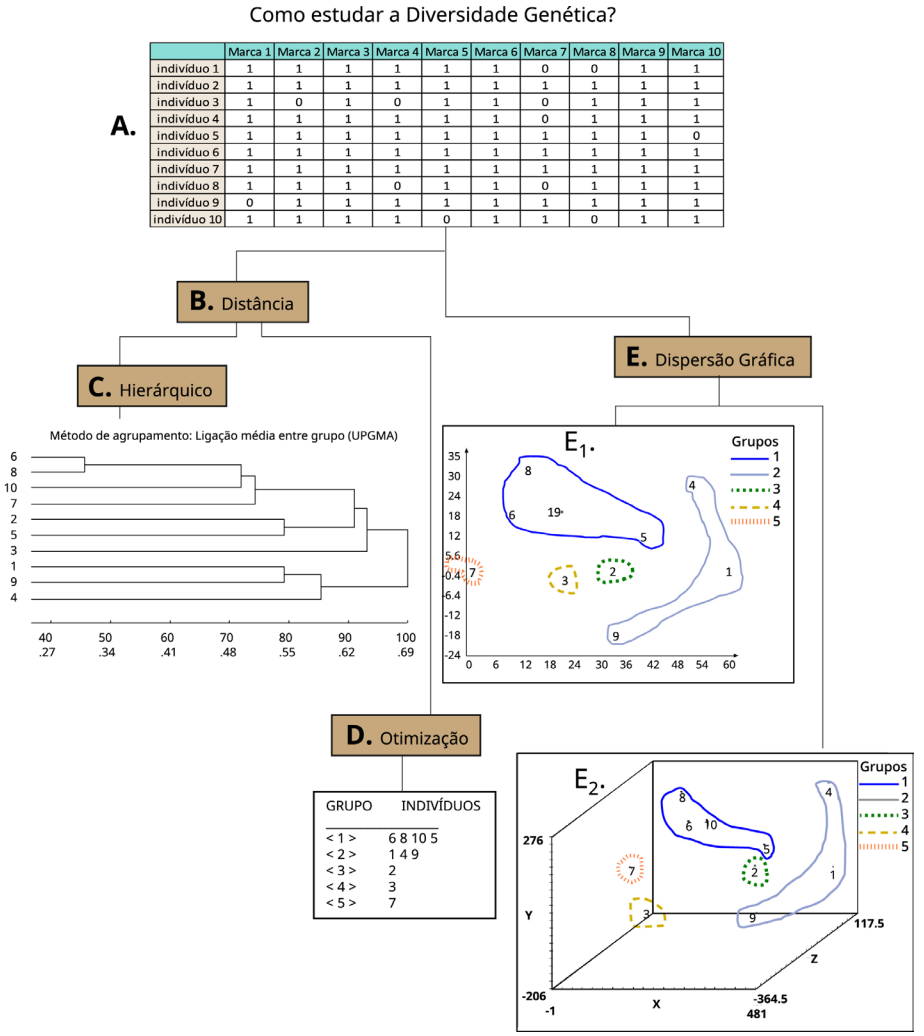
Fonte: Adelson Lemes da Silva Júnior, em 21/04/2020.

Dessa forma, com o uso dos marcadores dominantes, torna-se possível realizar o estudo da diversidade entre os indivíduos dentro da população. Na maioria das vezes, as populações avaliadas não estão estruturadas hierarquicamente, e as amostras são representações aleatórias da população. A partir desses marcadores, também é possível realizar estudos que buscam entender como os fatores evolutivos alteram a frequência gênica nas populações, uma vez que pode ser evidenciada pela variabilidade genotípica, e esta, por sua vez, pode ser predita por meio da diversidade genética avaliada numa população.

O professor Cosme Damião Cruz discute, em suas aulas de Biometria Aplicada ao Estudo da Diversidade Genética no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento

da Universidade Federal de Viçosa (UFV), o esquema apresentado na Figura 4. Nesse esquema, são representadas as etapas a serem adotadas para o estudo da diversidade genética a partir de marcadores dominantes. Após a análise das bandas polimórficas nos géis (Figura 4), é compilada a planilha da Figura 4. Nessa planilha, a presença da banda foi identificada com o numeral "1" e a ausência como "0". Entre os softwares apropriados para análises de diversidade genética, entre acessos a partir de marcas binárias, tem-se o Portal Genes (CRUZ, 2016) usado para a elaboração da Figura 4. Nele, pôde-se processar os dados para construir uma matriz de distância genética, com as dissimilaridades entre pares de indivíduos. Para o cálculo dessas dissimilaridades, devem-se escolher os índices apropriados de acordo com a importância da correspondência entre as bandas de diferentes indivíduos.

A análise da diversidade genética entre indivíduos dentro de uma mesma população é realizada por meio de estimativas de dissimilaridades genéticas oriundas de análises multivariadas, utilizando-se diferentes índices de similaridade e, findada essa etapa, podem-se adotar técnicas de agrupamento ou de projeção de medidas de dissimilaridade. Cruz, Ferreira e Pessoni (2020) trazem uma série de coeficientes de similaridades que foram descritos na literatura e recomendam que, para as análises de agrupamento, sejam empregados os índices de dissimilaridades. Os autores indicam, ainda, as fórmulas mais recomendadas para converter a similaridade à dissimilaridade. A escolha de qual índice de similaridade deve ser empregado fica a critério do pesquisador, uma vez que cada um apresenta características específicas.



	Marca 1	Marca 2	Marca 3	Marca 4	Marca 5	Marca 6	Marca 7	Marca 8	Marca 9	Marca 10
indivíduo 1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
indivíduo 2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
indivíduo 3	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1
indivíduo 4	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
indivíduo 5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
indivíduo 6	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
indivíduo 7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
indivíduo 8	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1
indivíduo 9	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
indivíduo 10	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1

Figura 4: Diagrama de representação de “Como estudar a Diversidade Genética?”

Fonte: Aulas de Biometria aplicada ao estudo da Diversidade Genética (Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFV)

Para uma melhor visualização das medidas de distância entre os indivíduos, é possível empregar técnicas de agrupamento, também utilizadas para a elaboração da Figura 4 (CRUZ, 2016). Existem inúmeras técnicas de agrupamentos na literatura, e Cruz, Ferreira e Pessoni (2020) trazem uma explanação completa a respeito desses métodos. Aqui, serão abordadas três técnicas de agrupamentos que, apesar de poderem ser empregadas isoladamente, fornecem mais informações e permitem a testagem de hipóteses mais robustas através do uso conjunto.

Para a visualização de dendrogramas (porção C da Figura 4), devem-se escolher métodos hierárquicos, como o UPGMA. No dendrograma, as ramificações correspondem às distâncias entre os acessos. No dendrograma gerado na parte C, os indivíduos 6 e 8 apresentam maior similaridade, enquanto os indivíduos 1, 4 e 9, são os mais distantes dos demais. Entretanto, a visualização de grupos é mais clara perante a aplicação de métodos de agrupamentos de otimização (porção D). Nessa etapa, destaca-se o método de Tocher (RAO, 1952). A aplicação desse método na parte D gerou cinco grupos, sendo os indivíduos 5, 6, 8 e 10 alocados no primeiro grupo, os indivíduos 1, 4 e 9, no segundo e os indivíduos 2, 3 e 7 ficaram em grupos isolados, formando os grupos três, quatro e cinco, respectivamente. Vale destacar que a média das distâncias entre os indivíduos do mesmo grupo deve ser menor que a distância entre os grupos.

Uma forma que auxilia a visualizar a diversidade é a dispersão gráfica (porção E da Figura 4), podendo ser realizada de forma bidimensional (2D) (porção E1 da Figura 4) ou tridimensional

(3D) (porção E2 da Figura 4). O uso dessa metodologia associada às metodologias de agrupamento possibilita a alocação dos indivíduos, identificando a qual grupo pertencem. Dessa forma, é possível visualizar a dispersão dos grupos nos gráficos.

Em contrapartida, os marcadores codominantes, por serem capazes de discriminar o homozigoto dominante do heterozigoto, fornecem mais informações genéticas. Para codificação a partir do gel desses marcadores, o genótipo homozigoto dominante é codificado por 11, o heterozigoto por 12 e o homozigoto recessivo por 22 (Figura 5). Caso o marcador seja multialélico, basta acrescentar os números correspondentes ao número de cada alelo.

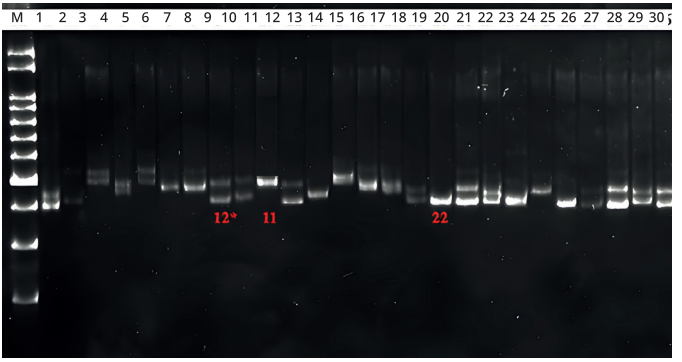


Figura 5: Gel fotodocumentado para 30 indivíduos da espécie *Dalbergia nigra*, expondo o genótipo dos indivíduos amostrados
Fonte: Adelson Lemes da Silva Júnior, em 11/08/2020.

Vale ressaltar que as tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS) possibilitam a genotipagem e a diferenciação de fragmentos que se divergem em apenas 1pb (par de base),

determinando o tamanho de cada alelo. Essa metodologia permite a obtenção de *loci* microssatélites com maior grau de polimorfismo e, também, a identificação dos homozigotos (por exemplo, alelos 0101 e 0202 ou 200/200 e 202/202 pb) e dos heterozigotos (por exemplo, alelos 0102 ou 200/202 pb).

Após a codificação dos géis ou via sequenciamento de marcadores codominantes, é possível obter a matriz de dissimilaridade e empregar técnicas de agrupamento ou de projeção de medidas de dissimilaridade, como orientado por Cruz, Ferreira e Pessoni (2020). Assim, pode-se estudar a diversidade genética dentro da população seguindo, basicamente, os passos da Figura 4, alterando os índices de similaridade e dissimilaridades para os parâmetros adequados. Entretanto, as informações obtidas por esses marcadores também podem ser empregadas para estimar a distância genética entre as populações. Cruz, Ferreira e Pessoni (2020) trazem diversos métodos para estimar a variação genética e conhecer a estrutura populacional, com aplicações variadas em níveis individual, intrapopulacional e interpopulacional.

Zanella e demais autores (2017) descrevem os procedimentos para geração, organização, análise e emprego desses marcadores microssatélites genotipados. Entre as análises que podem ser realizadas, esses autores descrevem as análises de diversidade genética, que possibilitam estimar parâmetros entre indivíduos de uma população, entre populações e entre espécies ou grupos espécies. Os marcadores microssatélites são rotineiramente usados para estudos da genética de populações naturais e filogeografia (MANGARAVITE et al., 2016; TÓTH et al., 2017), constituindo ferramentas importantes em

estratégias de conservação, bem como na biologia reprodutiva e na ecologia das espécies.

As estimativas da estrutura populacional dentro de uma espécie possibilitam estimar os níveis de fluxo gênico e dispersão entre populações, fornecem dados sobre a diferenciação genética dessas populações ao longo da distribuição geográfica do organismo e possibilitam a identificação de barreiras genéticas, migrantes, taxa de migração por geração, indivíduos miscigenados e zonas híbridas.

A partir do conhecimento dos genótipos dos indivíduos da população via marcadores codominantes, podem-se calcular as frequências alélicas. Entretanto, com a aplicação dos marcadores dominantes, só é possível calcular as frequências alélicas se for constatado que a população amostral se encontra em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Outras informações a respeito desses cálculos serão abordadas no próximo tópico.

Como conhecer a estrutura genética das populações

Nos estudos de genética da conservação, é necessário entender a estrutura genética das populações em análise. Nesse sentido, a genética de populações traz medidas interessantes a serem empregadas na aplicação das leis da hereditariedade, como as de Mendel, e outros princípios da genética. Nessas análises, todos os genótipos individuais de uma população são considerados, e a probabilidade de cruzamentos entre eles corresponde à ocorrência desses genótipos na população. Assim, são estimados os descritores

genéticos básicos de uma população, permitindo entender a sua estruturação.

Além da estrutura genética, nos estudos da genética de populações, busca-se conhecer a dinâmica da variação genética dentro e entre populações, a fim de descobrir e entender os processos (migração, mutação, seleção, deriva genética, entre outros) que podem afetar a frequência dos alelos e os genótipos na população. Nesse sentido, a estrutura genética de uma população pode ser estudada a partir da aferição dos seus descritores básicos, que são as frequências alélicas (p e q) e genotípicas (D, H e R) e seus comportamentos ao longo das gerações. Esses descritos genéticos básicos da população são variáveis bastante conectadas e fornecem uma medida matemática que quantifica a variação genética, possibilitando o estudo dos diferentes genótipos nas diferentes populações.

Por exemplo, a partir das análises do gel da Figura 5 e considerando que o marcador representa um gene (A) (*loco* A) com duas formas alélicas (A/a), "p" e "q" e as frequências genotípicas observadas por "D", "H", e "R", obtém-se a Tabela 1:

Codificação	Genótipo correspondente	Número de indivíduos observados	Frequência genotípica	Frequência genotípica
11	AA	10	$D = N_{11}/N$	D = 10/30 = 0,33
12	Aa	13	$H = N_{12}/N$	H = 13/30 = 0,44
22	aa	7	$R = N_{22}/N$	R = 7/30 = 0,23
		30		1

Tabela 1: Frequência genotípica e alélica na população estudada pelo marcador do gel da Figura 5

Assim, obtêm-se as frequências alélicas:

$$f(A)=p=D+(1/2)H=0,33+(1/2)x0,44=0,55$$
$$f(a)=q=R+(1/2)H=0,23+(1/2)x0,44=0,45$$

$$p+q=1 \longrightarrow 0,55+0,45=1$$

Fonte: elaborado pelos autores.

Árvores filogenéticas de um grupo, seja populações ou espécies de parentesco próximo, podem ser construídas a partir das distâncias genéticas quantificadas por meio das frequências alélicas ou genotípicas obtidas a partir de diferentes marcadores moleculares (*locus*). Fatores genéticos e ambientais podem provocar o distanciamento genético ou aumentar a similaridade entre populações. Esse grau de diversidade pode ser avaliado também por medidas, como a heterozigosidade, grau de fixação e correlação intergenotípica.

Quando calculadas a partir de diferenças das frequências alélicas, as diferenças genéticas são pequenas entre as populações. Considerando apenas um *loco*, vale ressaltar que duas populações seriam mais distantes geneticamente quando uma população tiver as frequências alélicas de p= 1 e q= 0 e a outra população tiver p= 0 e q= 1. Essa situação representa a fixação gênica, ou seja, indica que, para a primeira população, ocorreu a fixação do alelo A, e, para a segunda, do alelo a. Entretanto, o que encontramos na natureza são variações de p ($0 \leq p \leq 1$) e q ($0 \leq q \leq 1$).

A base da genética de populações é o Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW), o qual considera que, em uma população suficientemente grande e na ausência de seleção,

migração e mutação, o equilíbrio é atingido após uma geração de acasalamento ao acaso ("aaa"), de maneira que a relação genotípica se torna igual ao quadrado da frequência gênica e, com as sucessivas gerações de acasalamento ao acaso, permanece inalterada. No entanto, as populações naturais não atendem a esses pressupostos, pois o EHW é uma condição hipotética. Entretanto, esse conhecimento preditivo permite aos pesquisadores observar quais desvios estão ocorrendo e propor os possíveis fatores evolutivos envolvidos, reconhecendo, assim, a dinâmica evolutiva da espécie em determinadas regiões.

Para ilustrar o EHW, será considerada como população inicial a mesma da Tabela 1, com genótipos AA, Aa e aa, nas frequências D, H e R, respectivamente. As frequências alélicas são p e q para A e a, respectivamente. Considerando que ocorre acasalamento ao acaso entre os indivíduos dessa população, pode-se predizer a descendência, conforme ilustrado na Tabela 2.

Para determinar se a população está ou não em equilíbrio de Hardy-Weinberg, é necessário aplicar testes estatísticos, como o clássico teste de qui-quadrado, o teste de razão de verossimilhança e o teste exato de Fisher (PONTES et al., 2020). Esses testes são aplicados comparando os valores genotípicos observados e esperados para testar a hipótese de nulidade.

Genótipo	Frequência genotípica observada	Frequência genotípica esperada	
AA	D = 0,33	$p^2 = (0,55)^2 = 0,30$	
Aa	H = 0,24	$2pq = 2x0,55x0,25 = 0,50$	$p^2+2pq+q^2 = 1$
aa	R = 0,23	$q^2 = (0,45)^2 = 0,20$	
$f(A) = p_1 = p = 0,55$ $f(a) = q_1 = q = 0,45$			$p+q = 1$

Tabela 2: Frequência genotípica e alélica numa população em Equilíbrio de Hardy-Weinberg

Fonte: elaborado pelos autores.

Se a hipótese de nulidade não for aceita, pode-se deduzir que os pressupostos de Hardy-Weinberg não estão sendo satisfeitos e que ocorrem desvios das expectativas. Todavia, dependendo de qual pressuposto não for satisfeito, esses desvios podem ou não ser estatisticamente detectáveis. São causas desses desvios: efeito Wahlund, fluxo gênico, mutações, acasalamento não aleatório, seleção ou deriva genética. Nesse sentido, as alterações das frequências alélicas e genotípicas e sua posterior quantificação auxiliam o entendimento dos possíveis fatores evolutivos atuantes. A ocorrência de acasalamento preferencial, por exemplo, altera apenas as frequências genotípicas relativas aos genes especificamente envolvidos, ao passo que a deriva genética é particularmente efetiva – e mais facilmente diagnosticada – em populações pequenas, e suas alterações não podem ser previstas.

Muitas vezes, desvios causados por seleção, fluxo gênico e mutações de qualquer natureza precisam de valores significativamente altos para serem detectados, o que enfraquece

o teste de desvios das proporções de Hardy-Weinberg para avaliação das mudanças em uma população. Oliveira, Santos e Cruz (2020) utilizaram os mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM), um tipo de rede neural, para perceber as variações que os fatores evolutivos causavam nas populações. Esses autores verificaram que o SOM é capaz de organizar as populações sob seleção, deriva genética, migração ou seleção divergente em grides, e que essa organização pode ser explicada pelas particularidades de cada fator evolutivo envolvido. Assim, esses autores verificaram que a metodologia foi eficiente para detectar essas alterações em 100 *loci* das populações avaliadas.

O número de *loci* abordados no trabalho de Oliveira, Santos e Cruz (2020) é oportuno, pois, quando se consideram as informações de vários *loci*, é possível obter informações de maior credibilidade sobre as reais condições da população em análise. Entretanto, ao avaliar um número maior de *loci*, outros efeitos devem ser levados em consideração: desequilíbrio de ligação, desequilíbrio de fase gamética e associação alélica (FLINT-GARCIA; THORNSBERRY; BUCKLER, 2003), que concernem à associação não aleatória de alelos de diferentes *loci* nos gametas. Esse fator se torna interessante ao observarmos que o conhecimento do desequilíbrio permite elucidar fenômenos genéticos e evolutivos ocorridos ao longo de gerações nas populações ou espécies (SANTOS; OLIVEIRA; SILVA, 2020).

Segundo Cruz, Ferreira e Pessoni (2020), a presença do desequilíbrio de ligação pode indicar que, apesar de a população ser panmítica, uma estratificação pode persistir dentro da

população, de forma que ainda permanece um conjunto gênico preferencial, derivado dos ancestrais, que subdivide a população e só gradualmente se homogeneizará. Essa homogeneização dependerá, principalmente, da taxa de recombinação entre os dois *loci*, podendo ser extremamente lenta, sobretudo entre os *loci* estreitamente ligados, mas não somente nessa condição. Assim, o equilíbrio de ligação, quando constatado, será indicativo de que a população já passou por sucessivos ciclos de acasalamentos ao acaso e se encontra livre de forças evolutivas.

Apesar de ser conhecida a existência de acasalamentos ao acaso, se o desequilíbrio de ligação é detectado, postula-se a hipótese de que alguns fatores evolutivos devem ter atuado e constituem elementos perturbadores em relação ao modelo de Hardy-Weinberg. Ainda que a quebra do isolamento ou que processos seletivos abranjam apenas uma geração, eles geram novos desequilíbrios gaméticos, que, por sua vez, podem, se entre *loci* próximos, persistir durante muitas gerações. Por isso, o grande interesse na avaliação dos desequilíbrios de ligação reside no fato de eles assinalarem retrospectivamente eventos de introdução de alelos e alteração nas suas frequências no passado da população (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Várias metodologias para estimar o desequilíbrio de ligação têm sido amplamente descritas em revisões, ao passo que mais explicações e exemplos sobre o desequilíbrio de ligação podem ser encontradas nos trabalhos de Santos, Oliveira e Silva (2020) e de Cruz, Ferreira e Pessoni (2020).

Desafios e perspectivas do uso da genética para a conservação

A genética da conservação reúne informações das diferentes áreas da genética para identificar a diversidade e compreender a sua mudança ao longo da evolução. Assim, este capítulo abordou metodologias para acessar a variabilidade genética por meio do emprego de marcadores moleculares e, a partir deles, propor análises sobre a diversidade genética entre e dentro das populações. Entender a diversidade genética das populações torna-se importante na medida que permite supor os eventos evolutivos que ocorrem nessas populações e viabilizar o entendimento de como essas mudanças genéticas contribuem para a diferenciação das populações ao longo da distribuição temporal e geográfica.

Os estudos da genética de populações buscam conhecer a dinâmica da variação genética dentro e entre populações, a fim de descobrir e entender os processos (migração, mutação, seleção, deriva genética, entre outros) que podem afetar a frequência dos alelos e genótipos nas populações. O conhecimento gerado por esses estudos oportuniza delinear estratégias para a manutenção e sobrevivência da(s) espécie(s). Sem esse conhecimento, é possível afirmar que um número sem precedentes de espécies estaria em estado de vulnerabilidade ou até mesmo extinta.

Os mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM), um tipo de rede neural, vêm se destacando como uma ferramenta de análise que visa perceber as variações que os fatores evolutivos causavam nas populações. Oliveira, Santos e Cruz (2020)

verificaram que o SOM é capaz de organizar as populações sob seleção, deriva genética, migração ou seleção divergente em grides, e que essa organização pode ser explicada pelas particularidades de cada fator evolutivo envolvido. Entretanto, esses estudos foram realizados considerando marcadores codominantes.

Com relação aos marcadores dominantes, apesar de gerarem menos informações, ainda estão sendo empregados devido a seu baixo custo e generalidade, principalmente em espécies pouco exploradas e/ou com baixo interesse econômico. Assim, espera-se que o uso de marcadores codominantes se torne cada vez mais acessível, e as perspectivas são de que as tecnologias atuais e futuras de sequenciamento amplo do genoma permitirão o acesso cada vez mais rápido e abrangente das informações genéticas.

REFERÊNCIAS

BRASIL. Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. **Atualização da lista oficial das espécies ameaçadas de extinção**. Itajaí, SC: CEPSUL; ICMBIO/MMA, 2022. Disponível em: https://www.icmbio.gov.br/cepsul/destaques-e-eventos/704-atualizacao-da-lista-oficial-das-especies-ameacadas-de-extincao.html. Acesso em: 12 jan. 2023.

CARVALHO, Ana Carla C. S. *et al.* Evidence of the mechanism of action of *Erythrina velutina* Willd (Fabaceae) leaves aqueous extract. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 122, n. 2, p. 374-378, mar. 2009.

CRUZ, Cosme D.; FERREIRA, Fábio M.; PESSONI, Luiz A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 2. ed. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2020.

DÍAZ-GARCÍA, Juan M. *et al*. Amphibian species and functional diversity as indicators of restoration success in tropical montane forest. **Biodivers. Conserv.**, v. 26, p. 2569-2589, 2017.

EL-ESAWI, Mohamed A. Introductory Chapter: Assessment and Conservation of Genetic Diversity in Plant Species. *In*: EL-ESAWI, Mohamed A. **Genetic diversity in plant species:** characterization and conservation. London, UK: IntechOpen, 2019, p. 1-7. Disponível em: https://www.intechopen.com/chapters/66748. Acesso em: 27 set. 2022.

FALEIRO, Fábio Gelape. Aplicações de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar em programas de conservação, caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético vegetal. *In*: FALEIRO Fábio G.; ANDRADE, Solange Rocha M.; JUNIOR, Fábio B. dos Reis. (ed.). **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2011, p. 55-118.

FERREIRA, Márcio E.; GRATTAPAGLIA, Dario. **Introduccion al uso de marcadores moleculares em el análisis genético**. Brasília: Embrapa-Cenargen, 1998.

FLINT-GARCIA, Sherry A.; THORNSBERRY, Jeffry M.; BUCKLER IV Structure of linkage disequilibrium in plants. **Annual Review of Plant Biology**, Califórnia, v. 54, n. 1, p. 357-374, jun. 2003.

GUIMARÃES, Cláudia T. *et al.* Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, v. 30, n. 253, p. 24-33, nov./dez. 2009.

HABEL, Jan C. *et al.* Global warming will affect the genetic diversity and uniqueness of *Lycaena helle* populations. **Global Change Biology**, v. 17, n. 1, p. 194-205, dez. 2011.

HOFFMAN, Ary A.; SGRÒ, Carla M.; KRISTENSEN, Torsten N. Revisiting adaptive potential, population size, and conservation. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 32, n. 7, p. 506-517, jul. 2017.

JANES, Jasmine K.; BATISTA, Philip D. The role of population genetic structure in understanding and managing pine beetles. **Advances in Insect Physiology**, v. 50, p. 76-100, dez. 2016.

KAGEYAMA, Paulo Y.; GANDARA, Flávio B. Recuperação de áreas ciliares. *In*: RODRIGUES, Ricardo R.; LEITÃO-FILHO, Hermógenes F. (ed.). **Matas ciliares:** conservação e recuperação. São Paulo: EDUSP, 2004, p. 249-269.

LAIKRE, Linda. Genetic diversity is overlooked in international conservation policy implementation. **Conservation Genetics**, v. 11, p. 349-354, fev. 2010.

MAEBE, Kevin *et al.* Temporal drop of genetic diversity in *Bombus pauloensis*. **Apidologie**, v. 50, p. 526-537, jul. 2019.

NG, W. L.; TAN, S. G. Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers. **ASM Science Journal**, v. 9, n. 1, p. 30-39, 2015.

OLIVEIRA, Marciane S.; SANTOS, Iara G.; CRUZ, Cosme D. Self-Organizing Maps: a powerful tool for capturing genetic diversity patterns of populations. **Euphytica**, v. 216, n. 49, p. 1-9, fev. 2020.

PONTES, D. S. *et al.* Verificação das condições de equilíbrio de Hardy-Weinberg. *In*: OLIVEIRA, Marciane S.; CRUZ, Cosme D. (org.). **Genética de Populações com o Aplicativo GPOP**. Curitiba, PR: Brazil Publishing, 2020. p. 119.

RIBEIRO, Nathalia P. *et al.* Biodiversidade e conservação de recursos genéticos de espécies arbóreas. **Multitemas**, v. 21, n. 50, p. 31-49, jul./dez. 2016.

SAHA, Dipnarayan *et al.* Genetic diversity in lac resin-secreting insects belonging to *Kerria* spp., as revealed through ISSR markers. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 39, n. 2, p. 112-120, abr. 2011.

SANTOS, Fabrício R. *et al.* Diversidade Genética. *In*: Drumond GM; Martins CS; Greco MB, Vieira F. (org.). **Biota Minas:** diagnóstico do conhecimento sobre a biodiversidade no estado de Minas Gerais subsídio para o programa Biota Minas. 1 ed. Belo Horizonte: Fundação Biodiversitas, 2009, v. 1, p. 389-410.

SANTOS, Iara G.; OLIVEIRA, Marciane S.; SILVA, M. J. Ligação e desequilíbrio de ligação. *In*: OLIVEIRA, Marciane S.; CRUZ, Cosme D. (org.). **Genética de Populações com o Aplicativo GPOP**. Curitiba, PR: Brazil Publishing, 2020. p. 141-168.

SILVA JÚNIOR, Adelson L. et al. Genetic diversity of Schizolobium parahyba var. amazonicum (Huber ex. Ducke) Barneby, in a forest area in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-10, set. 2017.

SOL, Daniel. The future of biodiversity on Earth. **Mètode Science Studies Journal**, v. 10, p. 175-181, 2020.

SOUZA, Lucimara C. *et al.* Genetic diversity of Plathymenia reticulata Benth. in fragments of Atlantic Forest in southeastern Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-13, set. 2017.

STOWELL, Sierra M. L.; PINZONE, Cheryl A.; MARTIN, Andrew P. Overcoming barriers to active interventions for genetic diversity. **Biodiversity and Conservation**, v. 26, n. 8, p. 1753-1765, jul. 2017.

TEMPLETON, Alan R. **Genética de populações e teoria microevolutiva**. Tradução de Reinaldo Alves de Brito. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 2011.

TÓTH, Endre G. *et al.* Evolutionary history and phylogeography of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Europe based on molecular markers. **Journal of Forestry Research**, v. 28, n. 4, p. 637-651, abr. 2017.

TURCHETTO-ZOLET, Andreia C. *et al.* (org.). **Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 2017.

VIEIRA, Alessandra A. Rodrigues *et al.* Diversity and genetic structure of *Astronium concinnum* Schott ex Spreng. in conservation units. **Plant Genetic Resources**, v. 16, n. 6, p. 530-537, dez. 2022.

ZANELLA, Camila M. *et al.* Microssatélites: Metodologias de identificação e análise. *In*: TURCHETTO-ZOLET, Andreia C. *et al.* **Marcadores Moleculares na Era genômica:** Metodologias e Aplicações. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 2017, p. 94-117.

WOODCOCK, Ben A. *et al.* Meta-analysis reveals that pollinator functional diversity and abundance enhance crop pollination and yield. **Nature Communications**, v. 10, n. 1, p. 1-10, mar. 2019.

Capítulo 4

Passos para incorporar variáveis espaciais e temporais na genética da conservação

Andreia Magro Moraes

Marciane da Silva Oliveira

O objetivo deste capítulo é discutir os tipos de amostragens e de marcadores moleculares e as análises de dados mais utilizadas em estudos de genética da conservação, que têm incorporado variáveis espaciais e temporais. Análises genéticas que incorporam variáveis espaciais são objetos de estudo da genética da paisagem, área que está em ascensão por permitir investigar processos ecológicos e analisar o seu funcionamento no mundo "real".

Entretanto, a maioria das pesquisas de genética da conservação permanece sem um delineamento amostral explícito, exibindo amostragens oportunistas. Esse comportamento é tradicionalmente adotado na genética das populações e pode comprometer as análises, gerando resultados equivocados. Para que os resultados das pesquisas genéticas sejam aplicáveis à conservação, as principais mudanças que devem ser incorporadas são o delineamento amostral explícito e a consideração do efeito de escalas espaciais e temporais sobre a estruturação genética. Para isso, informações sobre o uso do espaço e tempo pela espécie de estudo devem ser previamente reunidas, assim como as falhas dos métodos de estudo, no intuito de evitar erros na interpretação dos resultados e, consequentemente, no planejamento dos programas de conservação.

Introdução

A variação genética tem sido um crescente alvo de investigação devido à sua importância para a biologia da conservação, uma ciência multidisciplinar que visa congregar o conhecimento de diferentes áreas para entender e combater

os processos que ameaçam a sustentabilidade da biodiversidade. A biodiversidade genética, por sua vez, pode ser afetada em múltiplas escalas, tanto espaciais quanto temporais (ANDERSON et al., 2010). O número de publicações científicas que tem usado variáveis espaciais para explicar a variação genética de populações naturais tem crescido substancialmente desde 2003. Contudo, o montante de pesquisas que tem incorporado variáveis temporais ainda é bastante incipiente (Figura 1).

A ciência que explica a influência das características da paisagem sobre a variação genética é a genética da paisagem. Ela foi citada pela primeira vez por volta dos anos de 1980, mas só foi proposta como uma ciência em 2003 (MANEL et al., 2003). Manel e demais autores (2003) a definiram como uma disciplina que integra as características espaciais com processos microevolutivos, como o fluxo gênico, a deriva genética e a seleção. Anos mais tarde, ela foi redefinida para integrar a genética de populações, a ecologia da paisagem e as estatísticas espaciais (STORFER et al., 2007).

Enquanto os estudos de genética da paisagem permitem avaliar a estrutura genética intra e interpopulacional em diferentes escalas espaciais (SORK; WAITS, 2010), os modelos temporais ajudam a entender quais forças determinam a diferenciação das populações e a testar quais as causas da perda de diversidade genética ao longo do tempo. As amostragens em múltiplas escalas temporais permitem também monitorar e avaliar os programas de conservação, tais como medidas de reintroduções e translocações de indivíduos (SMYSER et al., 2013), e planejar novas medidas de conservação, uma vez

que conhecemos a causa primária de diferenciação genética (HABEL et al., 2014). Desse modo, as escalas espaciais contribuem para a avaliação do efeito da paisagem sobre a variação genética (STORFER et al., 2007), ao passo que são importantes para a investigação de eventos demográficos e declínios populacionais (ORTEGO et al., 2011).

Conjuntamente, as amostragens em múltiplas escalas espaciais e temporais podem ajudar a identificar eventos passados e atuais que governam a diferenciação populacional. Por serem a dinâmica e a estruturação populacional resultados de múltiplos processos temporais, espaciais e biológicos, amostragens genéticas espaço-temporais tendem a aumentar o poder das análises e gerar informações mais precisas sobre os mecanismos de diferenciação populacional e sobre seu *status* de ameaça. Entretanto, apesar das vantagens listadas, o número de publicações que incorporam dados temporais é muito menor que aqueles que incorporam amostragens espaciais. Menor ainda tem sido o número de pesquisas que incorporaram ambas as escalas (espacial e temporal), conforme o disposto na Figura 1, que reúne publicações encontradas no banco de dados do Scopus e que contêm, no título, resumo ou palavras-chaves, os termos: (1) *landscape genetic* + *population* + *conservation*; (2) *temporal scale* + *conservation genetic*; e (3) *spatial scale* + *temporal scale* + *genetic conservation*. É possível que isso ocorra em função da dificuldade de obter e analisar amostras temporais. Por essa razão, este capítulo reúne as principais recomendações para testar o efeito da escala e o tipo de amostragem em pesquisas de genética da conservação que incorporam variáveis espaciais e/ou temporais (HABEL et al., 2014; 2015).

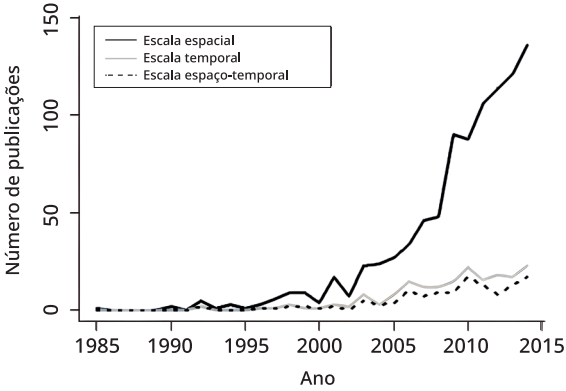


Figura 1: Número de publicações com os respectivos temas, entre 1985 e 2015

Fonte: elaborada pelos autores.

Identificação do problema

Os objetivos mais comuns de estudos de genética da conservação que incorporam variáveis espaciais incluem identificar as características ambientais ou da paisagem que facilitam ou impedem o movimento e fluxo gênico (MULLINS et al., 2015) e avaliar a influência da composição e configuração da paisagem sobre a diversidade e diferenciação genética populacional (APARICIO et al., 2012). Esses estudos permitem quantificar a atividade da variação da paisagem, em diferentes escalas espaciais, na moldagem da estrutura genética dentro das e entre as populações (SORK; WAITS, 2010). Já os modelos temporais ajudam a entender as forças que determinam a diferenciação das populações e a testar a perda de diversidade genética, que se deve a declínios ou gargalos populacionais (HABEL et al., 2014, 2015).

Dessa forma, pesquisas que incorporaram variáveis espaciais avaliam a influência de fatores da paisagem sobre a variação dos dados genéticos, tais como barreiras físicas, resistência e configuração da paisagem, fragmentação, perda de hábitat e distância inter-hábitat (MORAES et al., 2018). Já estudos que incorporam variáveis temporais avaliam a influência de eventos estacionais e demográficos sobre a variação genética (GUILLEMAUD et al., 2011).

Escolha da escala

Segundo Hall e Beissinger (2014), a escolha da escala é a segunda etapa em uma pesquisa, depois da definição do objetivo. A escala pode ser pequena/curta, grande/longa ou múltipla. Em análises de fluxo gênico, a escala temporal pode variar desde escalas históricas até regionais ou contemporâneas. Assim, a estrutura genética de uma população pode refletir um padrão histórico maior que os padrões contemporâneos da paisagem, exibindo um tempo de atraso no padrão genético observado. Por isso, torna-se importante considerar os efeitos da escala temporal em estudos genéticos. Por exemplo, Zelmer e Knowles (2009) usaram múltiplas escalas de tempo e espaço para investigar a influência da paisagem na diferenciação genética de uma espécie de anfíbio: *Rana sylvatica*. Usando essa metodologia, os autores observaram que a variação genética de *R. sylvatica* estava respondendo a escalas mais contemporâneas da paisagem.

A escolha da escala (espacial ou temporal) deve ser definida previamente à realização da pesquisa, que depende de informações sobre o comportamento e a ecologia da

espécie de estudo. Quando a escolha da escala é realizada de forma intuitiva, ela pode comprometer a interpretação dos resultados. Uma determinada escala pode ser adequada para um dado organismo, mas não para outro. Por isso, uma mesma escala não pode ser utilizada como parâmetro para espécies sem similaridades ecológicas. Uma escala de baixa resolução e uma classificação simples do uso e cobertura do solo, por exemplo, são adequadas para avaliar a influência da paisagem sobre o fluxo gênico de grandes vertebrados, mas em análises com pequenos vertebrados, que são afetados por mudanças em pequenas escalas da paisagem, são inapropriadas (SEGELBACHER et al., 2010).

Segundo Anderson e demais autores (2010), a escala espacial é caracterizada pela granulação, extensão e resolução; relacionadas à biologia da espécie em estudo. A granulação deve ser menor que a média da área de vida ou que a distância de dispersão da espécie, e a extensão deve ser maior que a área ocupada pela população e que a distância esperada de dispersão. Esse esquema está representado na Figura 2, em que a linha pontilhada representa a granulação; a contínua, a extensão; a em negrito, ligando os grãos à distância entre unidades amostrais; e a seta, que indica a distância de dispersão da espécie de estudo.

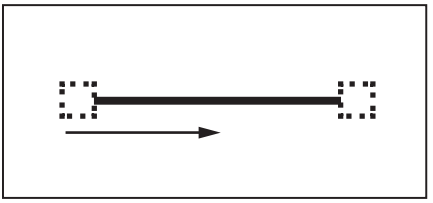


Figura 2: Esquema indicando a granulação, a extensão e a distância entre as unidades amostrais, que devem ser consideradas durante o delineamento de uma amostragem espacial
Fonte: Anderson e demais autores (2010).

Desenho amostral

Uma questão comum em estudos de genética de populações é a definição do número de indivíduos que deve ser amostrado e do número de marcadores a ser utilizado. Tradicionalmente, tem sido aceitável um mínimo de 20 a 30 indivíduos (NEI, 1978). Hale e demais autores (2012) demonstraram, utilizando diferentes táxons, que a variação na frequência alélica, na heterozigose esperada (He) e no coeficiente de endogamia devido à diferenciação entre subpopulações (Fst), diminuem à medida que o tamanho amostral aumenta. Os autores também observaram que a variação genética não é significativa em valores acima de 25 ou 30 indivíduos amostrados. Contudo, pesquisas que usam algoritmos de agrupamento genético e testes de atribuição podem dispensar esse tipo de delineamento, pois é mais importante para a genética da paisagem uma ampla distribuição da amostragem no espaço que na dimensão do indivíduo (STORFER et al., 2007).

Uma solução para definir o número de amostras, sítios, populações e marcadores pode ser os testes de randomização,

que visam quantificar o esforço mínimo necessário para encontrar uma variação genética. Dharmarajan e demais autores (2014) realizaram testes de aleatorização para avaliar o poder de sua amostragem – utilizando 13 microssatélites, Fst igual a 0,018 e o número mínimo de amostras (aproximadamente 20) – e observaram um poder maior que 80% de encontrar estruturação genética. Alguns programas podem ser usados para realizar esses testes, como o POWSIN. Esse *software* estima o poder e o erro das análises, usando o teste exato de Fisher e o teste de qui-quadrado e combinando informações, como número de sítios ou populações, tamanho das amostras, número de *loci*, frequência alélica e grau esperado de diferenciação (RYMAN; PALM, 2006).

A escala da amostragem pode ser a nível de indivíduo, grupo ou população. A amostragem a nível de indivíduo será adequada para espécies com distribuição contínua. Já amostragens a nível da população serão adequadas para espécies com distribuição descontínua ou agrupadas por uma grande escala geográfica. Para que múltiplos fatores (temporais e/ou espaciais) que afetam o objeto de estudo (como o fluxo gênico, por exemplo) sejam coletados, a amostragem deve ser bem distribuída no tempo e espaço (ANDERSON et al., 2010). Assim, quanto maior o número de sítios ou populações amostradas ao longo da área de distribuição da espécie de estudo, maior será o número de variáveis espaciais capturadas.

Geneticistas geralmente não têm conhecimento prévio sobre a espécie de estudo e, por isso, investigam a influência de várias características da paisagem ou assumem que apenas a distância geográfica pode causar o isolamento. Entretanto,

para aplicar a genética da paisagem na conservação, é necessário lançar mão de delineamentos amostrais mais explícitos e métodos mais sofisticados (SEGELBACHER et al., 2010), diferentemente do que ocorre com estudos de genética populacional, que, tradicionalmente, têm sido realizados com amostragens oportunistas (STORFER et al., 2007). Segundo Meirmans (2015), um dos principais erros encontrados na literatura de genética das populações é dar maior atenção à genotipagem que à amostragem. A randomização das amostras no laboratório é falha ou não informada e é conduzida considerando os limites geopolíticos, não biológicos.

O delineamento amostral pode, ainda, ser sistemático ou randômico. O modelo sistemático possui intervalos fixos de amostragem e cobre toda a área de estudo. Já modelos randômicos possuem uma amostragem aleatória e podem ser aplicados a espécies distribuídas continuamente ou em subconjuntos na paisagem. Esses modelos gerais podem ser implementados com delineamentos mais complexos, como:

1. Amostragem hierárquica: uma variável (a exemplo do tipo de cobertura) é mais intensamente coletada em fina escala do que outra variável (como genótipos);
2. Aninhada: a coleta ocorre numa escala mais ampla (bloco 1) e em limites mais finos (blocos 2 e 3);
3. Estratificada: apropriada para análises de gradiente e efeito da configuração da paisagem, quando se deseja capturar variáveis da paisagem distribuídas desigualmente na área de estudo.

Algumas questões que devem ser respondidas antes do delineamento amostral são: "Qual o objetivo do estudo? Como a espécie está distribuída no tempo e no espaço? Quais tipos de modelos estatísticos são adequados para o delineamento amostral e os tipo de dados coletados?". Quando o objetivo da pesquisa é avaliar a perda de diversidade ou a história demográfica, é recomendável que, antes de definir o delineamento amostral, as mudanças ocorridas na área de distribuição da espécie ao longo do tempo sejam investigadas. É importante interrogar, também, a existência de amostras coletadas em períodos simultâneos para uma mesma área ou região (STORFER et al., 2007).

Segundo Habel e demais autores (2015), um desafio da genética de populações é coletar um grande número de amostras de uma população em vários pontos no tempo. Embora estudos com a amostragem de um único ano ou de um período contemporâneo tenham sido capazes de estimar a influência de eventos passados na composição genética, o poder de detecção de efeitos históricos aumenta quando múltiplos pontos de amostragem no tempo – ou de períodos que antecederam ou sucederam o evento histórico – são amostrados. As coleções de museus são a chave para a incorporação dos dados temporais nas pesquisas (HABEL et al., 2014). O problema é que amostras antigas de museus são raras e de difícil extração de DNA e amplificação (pequena quantidade DNA e baixa qualidade). Entretanto, muitas análises que investigam eventos antigos podem ser realizadas com pequeno tamanho amostral, o que pode encorajar a incorporação dessas amostras (RAMAKRISHNAN; HADLY; MOUNTAIN, 2005).

No geral, pesquisas genéticas que avaliam a influência de variáveis espaciais buscam amostrar mais largamente a área de distribuição da espécie de estudo. Quanto maior o número de grupos (sítios e/ou períodos), menor o seu tamanho amostral. Dessa forma, geneticistas da paisagem capturam maiores informações do espaço, usando escalas ao nível de grupos ou populações (STORFER et al., 2007). Na situação inversa, a amostragem captura maiores informações na esfera do indivíduo (genótipos). Por isso, espera-se que estudos que avaliam a variação genética em um dado tempo se concentrem em obter um maior número de indivíduos (ANDERSON et al., 2010; HABEL et al., 2015).

Escolha do marcador molecular

No terceiro capítulo deste livro, foram apresentados alguns marcadores que podem ser utilizados em estudos de genética da conservação, destacando a empregabilidade dos marcadores dominantes e codominantes e as possíveis informações que cada um pode gerar. A Tabela 1, a seguir, evidencia, além da herança, a aplicação de alguns desses marcadores em estudos da genética da conservação.

Até o momento, os microssatélites têm sido os marcadores mais utilizados, atuando como base de sustentação da genética de populações por serem altamente polimórficos, abundantes no genoma e possuírem ampla área evolutiva, que permite examinar diferentes escalas de tempo. Os microssatélites são sequências curtas, altamente repetitivas, não codificadoras e com alta taxa de mutação devido aos deslizes da enzima durante a replicação das unidades de repetição. Eles são indicados para estudos que quantificam a estrutura

genética populacional e o fluxo gênico recente, além de serem os melhores marcadores para investigar as consequências da fragmentação contemporânea (ANDERSON et al., 2010).

Nessa esteira, a Tabela 1 explicita a aplicação dos marcadores moleculares em pesquisas de genética da conservação. A notação é a seguinte: "+" para técnicas que podem ser utilizadas para tal aplicação. Vários sinais indicam maior utilidade, sendo "–" para as que não podem ser utilizadas para o objetivo em questão e "?" às técnicas sobre as quais há informação insuficiente para inferência. A tabela foi baseada em Frankham, Briscoe e Ballou (2002), Hall e Beissinger (2014), Ouborg e demais autores (2010) e Schlötterer (2004).

		ALOENZIMAS	AFLP	SSR	mtDNA[1]	SNP
Fonte		**proteínas**	**nuDNA**	**nuDNA**	**mtDNA**	**nuDNA**
Herança		**codominante**	**dominante**	**codominante**	**codominante**	**codominante**
Reprodutibilidade		?	alta	baixa	alta	alta
APLICAÇÕES	***Tamanho efetivo***	++	?	+++	++	+++
	Gargalos	++	++	+++	++	+++
	Endogamia	-	+++	+++	?	+++
	Seleção	+	+++	-	-	+++
	Migração e fluxo gênico	++	+++	+++	++	+++
	Estrutura genética	++	++	+++	++	+++
	Padrão de acasalamento	++	-	+++	-	+++
	Parentesco	+	+	+++	+	+++

Tabela 1: Aplicação dos marcadores moleculares em pesquisas de genética da conservação

Fonte: baseado em Frankham; Briscoe; Ballou (2002), Hall; Beissinger (2014), Ouborg *et al*. (2010) e Schlötterer (2004).

Apesar das vantagens concedidas pelos marcadores de microssatélites, é preciso ter cautela na aplicação do método, já que possuem difícil interpretação de resultados devido à presença de artefatos (SCHLÖTTERER, 2004). Caso sejam usadas amostras não invasivas ou antigas na pesquisa, o conjunto de dados de microssatélite pode apresentar mais erros de genotipagem, dada a pequena quantidade e qualidade do DNA. Os erros de genotipagem comprometem severamente análises de parentesco e, moderadamente, as de diversidade genética e os testes de atribuição. Esses erros podem ser estimados utilizando o método de Zhan e demais autores (2010) e minimizados, com múltiplos tubos de genotipagem (TABERLET; LUIKART; WAITS, 1999) e usando pequenos fragmentos de microssatélites, especialmente em estudo com amostras antigas (HABEL et al., 2014).

O mtDNA e cpDNA são os marcadores mais indicados para estudos que investigam mudanças históricas em longas escalas espaciais (ANDERSON et al., 2010) e para análises com amostras antigas (HABEL et al., 2014). Eles não são recombinantes (HOLDEREGGER; WAGNER, 2008) e têm herança materna. Por isso, seus resultados contam a história do fluxo gênico mediado por apenas um dos sexos. Geralmente, o mtDNA e o cpDNA não fornecem variação genética entre indivíduos suficiente para investigar a influência da paisagem (Tabela 1). No entanto, se for observada, a dispersão é facilmente detectada. Estudos de fluxo gênico de plantas têm utilizado mais frequentemente o cpDNA, permitindo avaliar a dispersão do pólen ou sementes em diferentes escalas temporais e espaciais (ANDERSON et al., 2010).

AFLPs e aloenzimas também têm sido utilizados para investigar a diferenciação genética, especialmente em pesquisas com espécies de plantas (STORFER et al., 2010). Eles são indicados para análises com amostras recentes (HABEL et al., 2014). O AFLP é um tipo de marcador nuclear neutro e dominante, baseado na combinação da restrição da variação local (enzimas de restrição) e amplificação por meio do método de PCR (OUBORG et al., 2010). A principal vantagem do AFLP é não requerer informação a *priori* sobre a sequência alvo (*primer*). Ele é indicado na construção de mapas genéticos de espécies com pouco conhecimento a respeito do seu genoma (Tabela 1) (SCHLÖTTERER, 2004) e aplicado em estudos de grande escala espacial ou temporal (ANDERSON et al., 2010).

As aloenzimas, por sua vez, permitem distinguir variações nas enzimas (mudanças causadas pela substituição de aminoácidos) visualizadas no gel de eletroforese. Apesar de ser uma técnica de baixo custo e possuir um protocolo universal, o número de pesquisas que tem usado aloenzimas como marcadores tem diminuído expressivamente desde o surgimento dos marcadores de DNA. Sua substituição se justifica pelo fato de consistir em um método indireto de detecção da variação no DNA, possuir um número limitado de marcadores disponíveis e apresentar instabilidade em alguns dos seus *loci*, entre outros fatores (SCHLÖTTERER, 2004).

Até o momento, a maioria dos estudos de genética da conservação realizados tem utilizado, basicamente, marcadores neutros. Portanto, testes empíricos acerca do efeito de pequeno tamanho efetivo populacional sobre a variação genética funcional são praticamente inexistentes. Assim, uma

questão que atualmente não é clara na genética da conservação é como a variação genética relacionada com o *fitness* é afetada pelos mesmos processos observados em marcadores neutros (OUBORG et al., 2010). Uma maior cobertura do genoma permitirá obter uma melhor compreensão da variação genética e identificar regiões genômicas adaptativas. Novas tecnologias de sequenciamento, como a identificação de marcadores SNP, podem tornar possível a geração de enormes quantidades de sequências de DNA com baixo custo e rapidamente. No futuro, essas novas tecnologias substituirão os marcadores microssatélites e outros métodos tradicionais que são mais custosos e trabalhosos (SEGELBACHER et al., 2010).

SNP é um novo tipo de marcador molecular que detecta a mudança em uma única base na sequência de DNA nuclear (HOLDEREGGER; WAGNER, 2008). Eles têm maior cobertura do genoma que os microssatélites e os AFLPs e sua principal vantagem é o alto potencial de automatização, com custo moderado (OUBORG et al., 2010). Os SNPs são menos variáveis, além de serem os representantes mais comuns no genoma polimórfico quando comparados aos microssatélites. Por isso, seu uso tem crescido e é considerado o marcador do futuro (HABEL et al., 2014).

O SNP, assim como o microssatélite, tem alto poder de detecção de mudanças através de uma curta escala espacial ou temporal. Um grande conjunto de dados, tanto de SNP quanto de microssatélite, permite fazer inferências sobre o fluxo gênico de espécies com alto nível de dispersão e que exibem fraca estruturação genética, devido a processos ecológicos e evolutivos que têm atuado em curtos espaços de tempo

(ANDERSON et al., 2010). Entretanto, para que o primeiro SNP seja desenvolvido para uma dada espécie, é necessário, anteriormente, realizar o sequenciamento de vários genes do genoma, o que demanda tempo (HOLDEREGGER; WAGNER, 2008).

Métodos de análise

As pesquisas de genética da conservação mensuram a influência de variáveis espaciais e temporais na variação genética, estimando a diversidade genética e/ou diferenciação genética populacional. Inicialmente, contudo, é necessário realizar uma exploração dos dados, investigando:

1. A presença de alelos nulos, artefatos e alelos *dropout* no conjunto amostral;
2. Desvios no Equilíbrio de Hardy Weinberg (EHW);
3. Os testes de atribuição (CARLSSON, 2008).

Muitas análises são sensíveis à presença de alelos nulos, aos desvios no EHW e à presença de amostras relacionadas (CHAPUIS; ESTOUP, 2007). Desvios no EHW podem ser ajustados com correção sequencial de Bonferroni (RICE, 1989). Os alelos nulos também podem ser corrigidos usando programas como FreeNA (CHAPUIS; ESTOUP, 2007), ou, quando em baixa frequência (< 0,1), as análises podem ser realizadas sem significativa influência nos resultados (CARLSSON, 2008). O programa FreeNA estima a frequência de alelos nulos por *loco* e população e corrige o conjunto de dados para calcular o Fst e a distância genética, seguindo o método de ENA (CHAPUIS; ESTOUP, 2007). Além disso, testes de atribuição

também podem ser realizados, removendo ou não os *loci* com alelos nulos do conjunto de dados. Quando a remoção ou correção dos alelos nulos não alteram significativamente os resultados, os *loci* podem ser mantidos nas análises (MULLINS et al., 2015).

As estimativas de diversidade genética incluem a frequência alélica, número médio de alelos (Na), heterozigose esperada (He), riqueza alélica (AR), riqueza de alelos privados (PR) e coeficiente de endogamia (Fis). Pesquisas de genéticas delimitadas temporalmente usam os índices de diversidade de genética para entender a perda e a variação genéticas ao longo do tempo. Já pesquisas espaciais acessam a diversidade genética para investigar sua correlação com as métricas da paisagem. Por último, as pesquisas espaço-temporais correlacionaram a perda de diversidade ao tempo de fragmentação ou a eventos históricos (NORA; ALBALADEJO; APARICIO, 2015).

Uma diminuição no uso de métodos que quantificam o isolamento por distância (IBD) e uma maior importância dada aos testes de agrupamento genético e espacial indicam um avanço nas pesquisas (STORFER et al., 2010). Um modelo bayesiano usado largamente em estudos de genética da conservação para identificar grupos genéticos é o algoritmo implementado no *software* Structure (PRITCHARD; STEPHENS; DONNELLY, 2000), que mostra a proporção do genoma do indivíduo pertencente à população residente e/ou de origem. Apesar da sua importância e alta aplicabilidade em estudos de genética da paisagem, as análises no Structure e a interpretação de seus resultados devem ser realizadas com

cautela, especialmente se a amostragem utilizou um pequeno tamanho amostral e/ou amostras oportunistas.

Schwartz e Mckelvey (2009) mostraram que análises de agrupamento bayesiano no Structure podem identificar diferentes números de grupos genéticos, dependendo do método de amostragem aplicado. Como gradientes genéticos são, provavelmente, comuns na natureza, o Structure pode indicar populações enganosas. Por isso, antes de analisar a estrutura populacional, padrões que podem influenciar os resultados, como os espaciais e temporais, devem ser avaliados.

Fatores múltiplos das espécies, como demografia e fatores ambientais e históricos, muitas vezes desconhecidos pelo pesquisador, podem afetar a estrutura genética populacional. Dessa forma, a espécie pode não ser estruturada hierarquicamente por regiões geográficas, e diferentes cenários de K (ou seja, número de grupos genéticos estruturados) podem explicar a estrutura populacional, refletindo os diferentes processos biológicos envolvidos. Assim, além do valor ideal de K, apontado pelas estatísticas (aquele com maior valor), também é recomendada a interpretação dos valores subótimos de K (segundo e terceiro valores "ranqueados" nas estatísticas K), de acordo com os aspectos biológicos da espécie (MEIRMANS, 2015).

Outra análise que tem sido bastante utilizada para estimar a estrutura genética populacional é a Análise de Variância Molecular (Amova). A Amova produz estimativas de componentes de variâncias análogas à estatística F, que refletem a correlação da diversidade em diferentes níveis hierárquicos

para testar a subdivisão populacional (EXCOFFIER; SMOUSE; QUATTRO, 1992). A variância molecular é calculada hipotetizando uma fronteira populacional, o que aumenta o poder de inferência da análise caso a hipótese seja estabelecida com informação biológica, não apenas com fronteiras geopolíticas. A Amova pode ser uma ferramenta poderosa quando o resultado de estruturação é fraco, conferindo-lhe maior confiabilidade (MEIRMANS, 2015).

Alguns dos testes que correlacionam os dados genéticos com as variáveis da paisagem são: testes de isolamento, testes parciais de mantel, autocorrelações espacial e modelagens. Os testes de isolamento incluem:

1. O Isolamento por Resistência (IBR), que correlaciona a distância genética com a resistência (MCRAE; BEIER, 2007);
2. O isolamento por ambiente, que correlaciona a diferenciação genética com as diferenças ambientais (WANG; SUMMERS, 2010);
3. O clássico Isolamento por Distância (IBD), que correlaciona a diferenciação genética com a distância geográfica e, geralmente, é mensurado por meio do teste de mantel, que se difere por ser uma correlação parcial que usa três matrizes de dissimilaridade (MANTEL, 1967).

Por sua vez, a autocorrelação espacial (SMOUSE; PEAKALL, 1999) é uma análise multivariada que avalia a associação entre o relacionamento genético e a distância geográfica (conceitualmente similar ao teste de mantel). O método testa se o genótipo de um indivíduo (quantificado pela frequência

de alelos, distância genética etc.) em um determinado local depende do genótipo de um segundo indivíduo em uma localidade vizinha por meio de um correlograma espacial. Também é crescente a utilização de modelos de regressão para avaliar a relação entre as variáveis genéticas e métricas da paisagem, assim como modelagens da distância de menor custo – que correspondem ao cálculo do comprimento do caminho de menor custo entre os dois pontos (ADRIAENSEN et al., 2003) – para mensurar a conectividade da paisagem (MORAES et al., 2018).

Desafios e perspectivas: incorporando variáveis espaço-temporais em pesquisas aplicadas à conservação genética

A dinâmica e estruturação populacional resultam de múltiplos processos temporais, espaciais e biológicos. Por isso, amostragens genéticas espaço-temporais devem aumentar o poder das análises e gerar informações mais precisas sobre os mecanismos de diferenciação das populações e o seu *status* de ameaça (HABEL et al., 2015). Assim, estudos de genética da paisagem devem considerar a influência da escala temporal sobre a variação genética e vice-versa. Porém, muitas vezes, a influência dessa escala temporal sobre um processo ecológico é esquecida ou ignorada. Se a heterogeneidade genética temporal não é considerada, a diferenciação da população pode ser interpretada de forma equivocada, especialmente em situações em que a estruturação é fraca (STORFER et al., 2007).

Para analisar os efeitos das mudanças ambientais sobre a estrutura populacional, os pesquisadores precisam considerar o tempo passado (pré-fragmentação ou pré-gargalo) e o tempo recente (pós-fragmentação ou pós-gargalo). Um dos grandes desafios atuais é a padronização da amostragem no tempo e espaço. É possível que, com os avanços moleculares, possamos inferir sobre eventos históricos, utilizando apenas dados contemporâneos. Por enquanto, a literatura tem relatado que o poder das análises aumenta quando diferentes amostragens no tempo são realizadas. Somente quando amostragens espaço-temporais múltiplas forem incluídas nas pesquisas genéticas, poderemos identificar empiricamente os efeitos recentes de processos de longo prazo, como a fragmentação (HABEL et al., 2014).

REFERÊNCIAS

ADRIAENSEN, Frank *et al.* The application of "least-cost" modelling as a functional landscape model. **Landscape and Urban Planning**, v. 64, n. 4, p. 233-247, ago. 2003. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0169204602002426. Acesso em: 26 mar. 2023.

ANDERSON, Corey Devin *et al.* Considering spatial and temporal scale in landscape-genetic studies of gene flow. **Molecular Ecology**, v. 19, n. 17, p. 3565-3575, ago. 2010. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdfdirect/10.1111/j.1365-294X.2010.04757.x. Acesso em: 26 mar. 2023.

APARICIO, Abelardo *et al.* Fragmentation and comparative genetic structure of four mediterranean woody species: Complex interactions between life history traits and the landscape context. **Diversity and Distributions**, v. 18, n. 3, p. 226-235, jul. 2012. Disponivel em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/j.1472-4642.2011.00823.x. Acesso em: 26 mar. 2023.

CARLSSON, Jens. Effects of microsatellite null alleles on assignment testing. **Journal of Heredity**, v. 99, n. 6, p. 616-623, nov./dez. 2008. Disponível em: https://academic.oup.com/jhered/article/99/6/616/2188029?login=false. Acesso em: 26 mar. 2023.

CHAPUIS, Marie Pierre; ESTOUP, Arnaud. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. **Molecular Biology and Evolution**, v. 24, n. 3, p. 621-631, mar. 2007. Disponível em: https://academic.oup.com/mbe/article/24/3/621/2925626?login=false. Acesso em: 26 mar. 2023.

DHARMARAJAN, Guha *et al.* Effects of landscape, demographic and behavioral factors on kin structure: Testing ecological predictions in a mesopredator with high dispersal capability. **Animal Conservation**, v. 17, n. 3, p. 225-234, nov. 2014. Disponível em: https://zslpublications.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/acv.12086. Acesso em: 26 mar. 2023.

FRANKHAM, Richard; BRISCOE, David Anthony; BALLOU, Jonathan D. **Introduction to conservation genetics**. [*S. l.*]: Cambridge University Press, 2002.

GUILLEMAUD, Thomas *et al.* Weak spatial and temporal population genetic structure in the Rosy Apple Aphid, dysaphis plantaginea, in French Apple Orchards. **PLoS ONE**, v. 6, n. 6, p. 1-8, jun. 2011. Disponível em: https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0021263. Acesso em: 26 mar. 2023.

HABEL, Jan C. *et al.* The relevance of time series in molecular ecology and conservation biology. **Biological Reviews**, v. 89, n. 2, p. 484-492, nov. 2014. Disponível em: https://bpb-us-w2.wpmucdn.com/sites.baylor.edu/dist/6/18/files/2016/06/Habel-et-al.-2013-Biol-Rev-2998cbd.pdf. Acesso em: 26 mar. 2023.

HABEL, Jan C. *et al.* Population genetics revisited – towards a multidisciplinary research field. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 115, p. 1-12, maio 2015. Disponível em: https://academic.oup.com/biolinnean/article/115/1/1/2440240?login=false. Acesso em: 26 mar. 2023.

HALE, Marie L.; BURG, Theresa M.; STEEVES, Tammy E. Sampling for microsatellite-mased population genetic studies: 25 to 30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies. **PLoS ONE**, v. 7, n. 9, p. 1-11, set. 2012.

HALL, Laurie A.; BEISSINGER, Steven R. A practical toolbox for design and analysis of landscape genetics studies. **Landscape Ecology**, v. 29, n. 9, p. 1487-1504, ago. 2014. Disponível em: https://nature.berkeley.edu/beislab/BeissingerLab/publications/Hall&Beis_2014_LandscapeEcol.pdf. Acesso em: 26 mar. 2023.

MANEL, Stéphanie *et al.* Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, n. 4, p. 189-197, abr. 2003.

MANTEL, Nathan. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, p. 209-220, fev. 1967.

MCRAE, Brad H; BEIER, Paul. Circuit theory predicts gene flow in plant and animal populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 104, n. 50, p. 19885-19890, dez. 2007.

MEIRMANS, Patrick G. Seven common mistakes in population genetics and how to avoid them. **Molecular Ecology**, v. 24, n. 13, p. 3223-3231, jul. 2015.

MORAES, Andreia Magro *et al.* Landscape resistance influences effective dispersal of endangered golden lion tamarins within the Atlantic Forest. **Biological Conservation**, v. 224, p. 178-187, jun. 2018.

MULLINS, Jacinta *et al.* Evaluating connectivity between Natura 2000 sites within the montado agroforestry system: a case study using landscape genetics of the wood mouse (*Apodemus sylvaticus*). **Landscape Ecology**, v. 30, n. 4, p. 609-623, abr. 2015.

NEI, Masatoshi. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, jul. 1978.

NORA, Sofia; ALBALADEJO, Rafael G.; APARICIO, Abelardo. Genetic variation and structure in the Mediterranean shrubs Myrtus communis and Pistacia lentiscus in different landscape contexts. **Plant Biology**, v. 17, n. 2, p. 311-319, set. 2015.

ORTEGO, Joaquín *et al.* Temporal dynamics of genetic variability in a mountain goat (Oreamnos americanus) population. **Molecular Ecology**, v. 20, n. 8, p. 1601-1611, abr. 2011.

OUBORG, N. Joop *et al.* Conservation genetics in transition to conservation genomics. **Trends in Genetics**, v. 26, n. 4, p. 177-187, abr. 2010.

PRITCHARD, Jonathan K.; STEPHENS, Matthew; DONNELLY, Peter. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, jun. 2000.

RAMAKRISHNAN, Uma; HADLY, Elizabeth A.; MOUNTAIN, Joanna L. Detecting past population bottlenecks using temporal genetic data. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 10, p. 2915-2922, set. 2005.

RICE, William R. Analyzing Tables of Statistical Tests. **Evolution**, v. 43, n. 1, p. 223-225, jan. 1989.

RYMAN, Nils; PALM, Stefan. POWSIM: a computer program for assessing statistical power when testing for genetic differentiation. **Molecular ecology**, v. 6, p. 600-602, set. 2006.

SCHLÖTTERER, Christian. The evolution of molecular markers — just a matter of fashion? **Nature reviews. Genetics**, v. 5, n. 1, p. 63-69, jan. 2004.

SCHWARTZ, Michael K.; MCKELVEY, Kevin S. Why sampling scheme matters: the effect of sampling scheme on landscape genetic results. **Conservation Genetics**, v. 10, n. 2, p. 441-452, abr. 2009.

SMOUSE, Peter E; PEAKALL, Rod. Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. **Heredity**, v. 82, p. 561-573, maio 1999.

SMYSER, Timothy J. *et al.* Use of experimental translocations of allegheny woodrat to decipher causal agents of decline. **Conservation Biology**, v. 27, n. 4, p. 752-762, ago. 2013.

SORK, Victoria L.; WAITS, Lisette. Contributions of landscape genetics–approaches, insights, and future potential. **Molecular Ecology**, v. 19, n. 17, p. 3489-3495, set. 2010.

STORFER, Andrew *et al.* Putting the "landscape" in landscape genetics. **Heredity**, v. 98, n. 3, p. 128-142, nov. 2007.

STORFER, Andrew *et al.* Landscape genetics: Where are we now? **Molecular Ecology**, v. 19, n. 17, p. 3496-3514, set. 2010.

SUNNUCKS, Paul. Efficient genetic markers for population biology. **Tree**, v. 15, n. 5, p. 199-203, jun. 2000.

TABERLET, Pierre; LUIKART, Gordon; WAITS, Lisette P. Noninvasive genetic sampling: Look before you leap. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 14, n. 8, p. 323-327, ago. 1999.

WANG, Ian J.; SUMMERS, Kyle. Genetic structure is correlated with phenotypic divergence rather than geographic isolation in the highly polymorphic strawberry poison-dart frog. **Molecular ecology**, v. 19, n. 3, p. 447-458, fev. 2010.

ZHAN, Xiangjiang *et al.* A new method for quantifying genotyping errors for noninvasive genetic studies. **Conservation Genetics**, v. 11, n. 4, p. 1567-1571, jun. 2010.

CAPÍTULO 5

O cariótipo e o epigenoma na genética da conservação

Wellington Ronildo Clarindo

Adelson Lemes da Silva Júnior

Marciane da Silva Oliveira

A genética da conservação se fundamenta em dados acerca da diversidade genética e epigenética das diferentes espécies eucariotas. Tais diversidades podem ser percebidas, mensuradas e comparadas a partir de dados do cariótipo (citogenética) e do epigenoma (epigenética). O cariótipo envolve o número e a morfometria de cromossomos – consequentemente, também o cariograma – e o mapeamento de regiões cromossômicas (eucromatina, heterocromatina, constrições secundárias etc.) e sequências do genoma (genes, elementos móveis, microssatélites etc.). A caracterização do cariótipo permite conhecer o genoma de uma espécie eucariota, assim como compará-lo com outros cariótipos de táxons relacionados. Assim, dados sobre o cariótipo têm impacto na citotaxonomia, nos estudos evolutivos e filogenéticos e nos programas de melhoramento.

Além do cariótipo, o epigenoma também vem sendo investigado, especialmente com relação às suas variações. A epigenética contempla as variações químicas que podem ocorrer na base nitrogenada citosina da molécula de DNA, assim como em aminoácidos das alças das histonas. As mudanças químicas na citosina e/ou nos aminoácidos das alças das histonas promovem alterações nos níveis de compactação da cromatina (a eucromatina, com nível de baixo compactação, e a heterocromatina, com nível elevado de compactação), e, consequentemente, nos níveis de expressão gênica. Essas variações podem resultar em variações fenotípicas. Neste capítulo, trataremos dos conceitos e dos aspectos gerais do cariótipo e do epigenoma, da relevância de ambos

para a diversidade genética e epigenética, e, com efeito, para a conservação e o uso sustentável da diversidade.

O cariótipo na genética da conservação

Variações "ômicas" (genoma, epigenoma, transcriptoma e metaboloma) ocorrem entre indivíduos de diferentes espécies (variações interespecíficas), assim como entre indivíduos de uma mesma espécie (variações intraespecíficas). Portanto, destacaremos neste capítulo as diferenças entre os indivíduos para o genoma nuclear e o epigenoma. Nesse recorte, o conceito genético de clone é importante: "população de células ou organismos geneticamente idênticos, formados por meio de sucessivos ciclos celulares a partir de uma célula única ou de um organismo ancestral" (RIEGER, MICHAELIS; GREE, 1976; KING; STANSFILED, 2002).

A partir das observações e avaliações do genoma, epigenoma e fenótipo (caracteres fisiológicos, morfológicos, reprodutivos e comportamentais), surge a genética da conservação. As alterações genéticas e epigenéticas podem resultar em mudanças fenotípicas ou, até mesmo, em uma nova característica. Num contexto genético e evolutivo, as variações genéticas e epigenéticas podem ser categorizadas conforme o nível e o efeito em um determinado ambiente, sendo: ausentes, neutras, deletérias e benéficas. Ausência de variação designa que não há variação genética, mas sinaliza a possibilidade de modificações epigenéticas essenciais, as quais podem desencadear o processo morfogênico. A variação neutra aponta que há variação no genoma e epigenoma,

mas sem variação fenotípica e sem mudanças no valor adaptativo. A variação neutra também inclui a variação deletéria, suprimida por outra variação no genoma ou epigenoma, ou por genes supressores. A variação genética e epigenética deletéria denota a variação que resulta em diminuição do valor adaptativo. Por fim, a variação benéfica designa a variação que aumenta o valor adaptativo (WANG; WANG, 2012).

A caracterização do genoma e do epigenoma é fundamental para identificar e mensurar a diversidade genética e epigenética, bem como para compreensão das causas da variação fenotípica interespecífica e intraespecífica e para o planejamento das estratégias de conservação genética. Esse olhar permite selecionar os espécimes (indivíduos, germoplasmas) divergentes para multiplicá-los e conservá-los. A avaliação e a seleção são conduzidas por diversos procedimentos que vêm sendo empregados com foco no cariótipo, no conteúdo de DNA nuclear e nas oscilações nos níveis globais de metilação da citosina da molécula de DNA.

A diversidade genética do cariótipo é anotada pela caracterização e contagem do número de cromossomos por meio da citogenética clássica e da citogenética molecular. A citogenética é área do conhecimento que se dedica ao estudo do cariótipo, isto é, de estrutura, organização, comportamento e evolução dos cromossomos. Com esses propósitos, a citogenética se caracteriza como uma ciência que associa a biologia celular à genética, fornecendo informações acerca da peculiaridade do cariótipo de diferentes espécies de fungos

(WIELOCH, 2006; RAJU, 2009), animais invertebrados e vertebrados (Figura 1) (MICOLINO et al., 2019; REINSALU et al. 2019) e plantas (Figura 2) (SADER et al., 2019; FERREIRA et al., 2020).

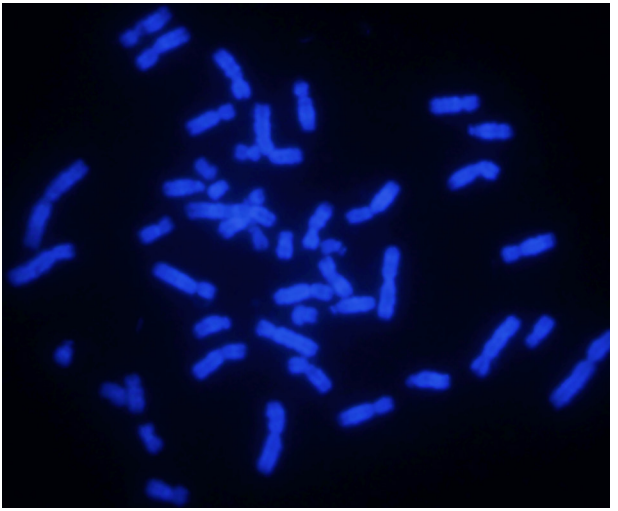


Figura 1: O cariótipo humano, *Homo sapiens*, com 2n = 2x = 46 cromossomos. O cariótipo humano é diploide, apresentando 22 pares de cromossomos autossômicos e um par de cromossomos sexuais (XX ou XY). Barra = 5 µm

Fonte: imagem gerada a partir de estudos conduzidos no Laboratório de Citogenética e Citometria da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em 12/05/2014.

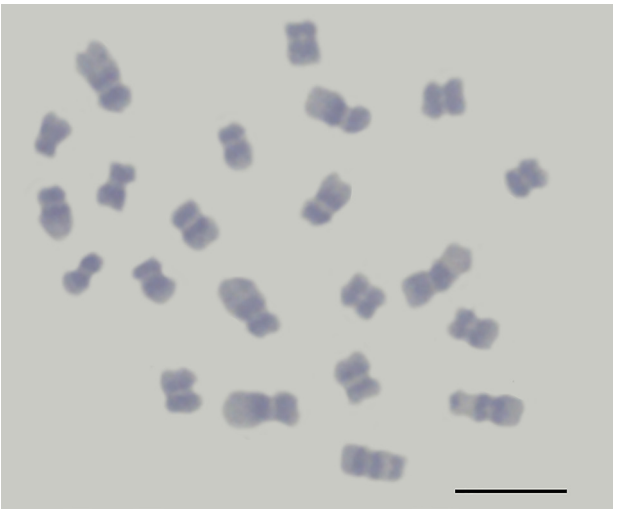


Figura 2: Cromossomos mitóticos metafásicos do café conilon, *Coffea canephora*, uma das espécies de maior importância agronômica para o Brasil. O cariótipo de *C. canephora* possui 2n = 2x = 22 cromossomos, sendo 11 pares de cromossomos. Barra = 5 µm

Fonte: imagem gerada a partir de estudos conduzidos no Laboratório de Citogenética e Citometria da UFV, em 05/11/2015.

As investigações citogenéticas se concentram no estudo dos cromossomos mitóticos metafásicos (WIELOCH, 2006; RAJU, 2009; SADER et al., 2019; FERREIRA et al., 2020), assim como dos cromossomos bivalentes em paquíteno, formados a partir do par homólogo unido pelo complexo sinaptonêmico (WALLING et al., 2006). Nessas investigações, diferentes técnicas são empregadas para caracterizar os cromossomos mitóticos e meióticos no que diz respeito à sua morfologia, organização e função e quanto à sua diversidade e evolução.

Para obter os cromossomos, tecidos somáticos apresentando células proliferativas são resgatados para tratamento com antitubulínicos, que promovem a parada do ciclo celular na metáfase mitótica. Além dos cromossomos mitóticos, cromossomos meióticos também podem ser obtidos por meio dos tecidos reprodutivos, os quais possuem os meiócitos. Nesse processo, lâminas são preparadas a partir desses materiais e observadas ao microscópio. Dessa forma, o número de cromossomos em metáfase (metáfase mitótica, conforme as Figuras 1 e 2) ou de bivalentes em paquíteno (prófase I da meiose I) é determinado e, comparativamente, são definidas as alterações cromossômicas numéricas, as quais são classificadas como euploidias ou aneuploidias (SATTLER et al., 2016). O número de cromossomos mitóticos ou o número de cromossomos bivalentes é a primeira informação que pode ser acessada na visualização do cariótipo de uma espécie. Esse dado permite comparar células de um mesmo indivíduo, de indivíduos de uma mesma espécie e de espécies diferentes. Portanto, o número de cromossomos é um dado empregado para apontar se há diversidade genética cariotípica.

Já a caracterização morfométrica dos cromossomos e, principalmente, a aplicação de técnicas de bandeamento e de citogenética molecular, permitem comparar o cariótipo de diferentes espécies e identificar alterações cromossômicas estruturais, tais como deleções, duplicações, inversões e translocações. Nesse sentido, a primeira etapa da caracterização do cariótipo envolve a mensuração do tamanho total de cada cromossomo e dos braços curto e longo (Figura 3). Por meio desses dados, a classe cromossômica é determinada

e os cromossomos classificados em metacêntricos, submetacêntricos, acrocêntricos ou telocêntricos (GUERRA, 1986).

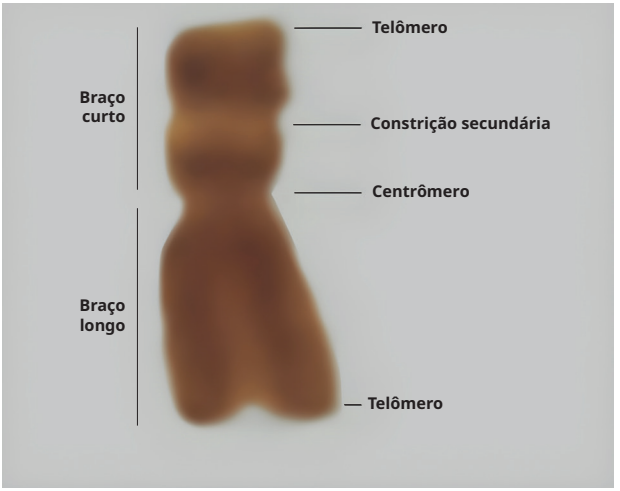


Figura 3: Cromossomo mitótico metafásico com destaque às suas diferentes porções. Barra = 5 µm

Fonte: imagem gerada a partir de estudos conduzidos no Laboratório de Citogenética e Citometria da UFV, em 05/11/2015.

As técnicas de bandeamento cromossômico são empregadas para produção de padrões de bandas nos cromossomos mitóticos e meióticos. As técnicas de bandeamento se baseiam nas propriedades químicas dos corantes ou fluorocromos e das macromoléculas orgânicas que constituem o cromossomo (DNA, RNAs, histonas, enzimas, outras proteínas etc.). As técnicas de bandeamento revelam padrões distintos de coloração nos cromossomos: as bandas. Por sua vez, são informações que ampliam a capacidade de caracterização,

permitindo a identificação de pares de homólogos e de rearranjos cromossômicos ocorridos durante a diversificação do cariótipo (Figura 4). Com atuação ao longo de todo o comprimento do cromossomo (telômero a telômero), as técnicas de bandeamento proporcionam uma análise comparativa entre cromossomos de um mesmo cariótipo ou de espécies diferentes (MICOLINO et al., 2019; REINSALU et al., 2019).

A Figura 4 explicita cromossomos mitóticos metafásicos do milho *Zea mays*, com 2n = 2x = 20 cromossomos, corados com o fluorocromo 4',6-diamidino-2-fenilindole (DAPI) (à esquerda). Um cromossomo submetacêntrico do milho com destaque para suas diferentes porções e para a região de *knob*, a qual é uma porção de heterocromatina rica em bases nitrogenadas adenina e timina e, por esse motivo, é uma porção preferencialmente corada pelo DAPI (Banda DAPI+) (à direita).

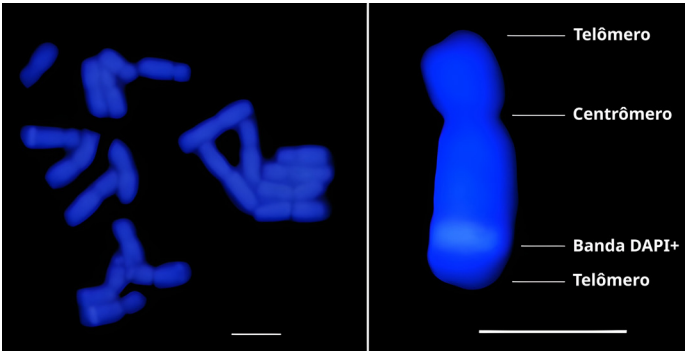


Figura 4: Cromossomos mitóticos metafásicos do milho *Zea mays*. Barra = 5 µm

Fonte: imagem gerada a partir de estudos conduzidos no Laboratório de Citogenética e Citometria da UFV, em 07/03/2018.

Por meio do bandeamento cromossômico, é possível diferenciar:

1. As porções de heterocromatina constitutiva (banda C), que constituem o centrômero, por exemplo;
2. As porções de eucromatina e heterocromatina (banda G, banda Q ou banda R) ao longo de todo o comprimento cromossômico, do telômero do braço curto ao telômero do braço longo;
3. A região organizadora do nucléolo (banda NOR), a qual é o sítio cromossômico dos genes que codificam o RNA ribossômico (rRNA).

A integração entre a citogenética e a biologia molecular resultou na citogenética molecular, que também é empregada para identificação e mapeamento da diversidade cariotípica e para a compreensão dos fenômenos genéticos e evolutivos relacionados a essa diversidade. As técnicas de hibridização *in situ* (citogenética molecular) são usadas para detecção e/ou localização de sequências de ácidos nucleicos (sequências-alvo) nos cromossomos e consistem no pareamento da sonda (sequência de nucleotídeos marcados), geralmente de DNA, a uma sequência-alvo no cromossomo. Portanto, as técnicas de hibridização *in situ* se baseiam na complementaridade das bases nitrogenadas e no fato de a sonda ser antisenso em relação à sequência-alvo (TESSADORI; VAN DRIEL; FRANSZ, 2004).

A citogenética molecular tem ampliado consideravelmente o nível de análise e o campo de atuação da citogenética, ao gerar dados que permitem:

1. Identificar os pares de homólogos das espécies que possuem cromossomos de tamanho e morfologia semelhantes (cariótipo homomórfico);
2. Localizar sequências de DNA específicas, auxiliando a comparação dos cariótipos em estudos de citotaxonomia e as investigações da estrutura, função e evolução dos cromossomos;
3. Construir mapas físicos dos cromossomos;
4. Identificar possíveis rearranjos cromossômicos estruturais e as relações de parentesco entre espécies.

A citometria de fluxo é outra possibilidade de verificação de mudanças do cariótipo com base no nível de ploidia de DNA (1C, 2C, 3C, 4C, nC) e/ou do conteúdo de DNA nuclear (em picogramas ou pares de base). Uma das vantagens da citometria de fluxo frente à contagem do número de cromossomos é a análise de um número consideravelmente maior de indivíduos em um curto espeço de tempo. Adicionalmente, milhares de núcleos referentes às inúmeras células podem ser analisados em uma única execução. Adicionada a rapidez e acurácia, a citometria de fluxo pode ser executada a partir de um pequeno fragmento de qualquer tecido, proliferativo ou não proliferativo, constituído de células nucleadas. Dessa forma, a citometria de fluxo é empregada para detecção precoce do nível de ploidia de DNA e do conteúdo de DNA

nuclear nos estágios iniciais de desenvolvimento do indivíduo. Portanto, a citometria de fluxo se destaca por possibilitar a identificação e a seleção precoce da diversidade genética nuclear.

O nível de ploidia de DNA e o tamanho do genoma nuclear, determinados por meio da citometria de fluxo, evidenciam variações intraespecíficas e interespecíficas, as quais são fundamentais para alinhar as estratégias de conservação. Ademais, esses dados também fazem parte de estudos taxonômicos e evolutivos, que correlacionam essas variações com as características adaptativas das espécies e com a distribuição geográfica (TULER et al., 2019).

Epigenética na genética da conservação

Assim como as alterações genéticas (número e estrutura dos cromossomos e sequência de DNA), mudanças epigenéticas existem entre células de um mesmo indivíduo e entre indivíduos diferentes. Nesse contexto, há apontamentos que reportam que a diversidade biológica vai "muito além da sequência de DNA". A epigenética é caracterizada por oscilações na conformação da cromatina, levando células com o mesmo genótipo a expressarem fenótipos contrastantes (expressividade variável, penetrância incompleta, plasticidade fenotípica). O remodelamento da cromatina (eucromatina/menos compactado ↔ heterocromatina/mais compactado) é resultado de modificações químicas envolvendo a base nitrogenada citosina (C) do DNA e/ou em aminoácidos das alças das histonas (H2A, H2B, H3 e H4) que constituem o nucleossomo.

A herança epigenética (epimarcas) promove diferenciação celular e plasticidade do desenvolvimento nas diferentes espécies de fungos, animais e vegetais. A herança epigenética se dá por meio das divisões celulares (ciclo celular/mitose e meiose), da metilação da citosina do DNA, das modificações químicas dos aminoácidos das histonas e da atividade de RNAs não codificantes. Apesar de incipientes, por exemplo, em insetos, dados têm demonstrado o papel das variações epigenéticas na geração de diversidade fenotípica, tanto na morfologia quanto no papel do inseto (GLASTAD; HUNT; GOODISMAN, 2019).

Nos genomas eucariotos, a citosina é a base nitrogenada frequentemente modificada. A metilação dessa base nitrogenada do DNA promove:

1. Mudanças nos padrões de expressão gênica, especialmente quando ocorre na região promotora dos genes;
2. Silenciamento ou ativação dos elementos móveis do genoma (transposons e retrotransposons);
3. Interações cromossômicas entre regiões pericentroméricas e em outras regiões heterocromáticas das porções intersticiais dos cromossomos (ZHANG; LANG; ZHU, 2018).

A variação nos padrões de metilação da citosina do DNA tem sido avaliada e mensurada especialmente para comparar genótipos idênticos com fenótipos divergentes e/ou para verificar o impacto de fatores estressores ambientais bióticos e abióticos. Os métodos mensuram, principalmente, a proporção das citosinas metiladas no genoma global ou nas

sequências regulatórias e/ou transcritas dos genes. Os dados de metilação da citosina podem ser integrados aos dados do transcriptoma e do metaboloma, permitindo o entendimento das diferenças fenotípicas sob condições ambientais particulares. Em uma revisão realizada por Schulz e demais autores (2013), os estudiosos buscaram análises alternativas, que investigaram os diferentes tipos de metilação e a sua relação com aspectos ecológicos e processos evolutivos. Esse estudo também evidenciou que o polimorfismo de amplificação sensível à metilação é importante para pesquisas que se dedicam à população ou à espécie.

Outro mecanismo envolvido na epigenética são as modificações químicas das histonas. A acessibilidade dos fatores de transcrição da RNA polimerase (I, II ou II) ao DNA pode ser alterada pelas modificações nos níveis de compactação da cromatina, promovidas por mudanças químicas nos aminoácidos das alças das histonas. Entre as alterações ocorrentes, podem ser listadas a metilação, acetilação, ubiquitinação, ADP-ribosilação e sumoilação dos radicais dos aminoácidos lisina e fosforilação dos radicais dos aminoácidos serina e treonina, tanto nas histonas H2A, H2B, H3 e H4 quanto em histonas variantes, como H3.1, H3.3 e HTZ.1. Além de interferir na expressão gênica e consequentemente no fenótipo, padrões distintos de fosforilação das histonas variantes foram identificados simultaneamente em cromossomos mitóticos metafásicos de *Lathyrus sativus* e *Pisum sativum*, com destaque para o papel da epigenética também na estrutura e organização dos cromossomos (NEUMANN et al., 2016).

Os mecanismos epigenéticos são altamente dinâmicos, modulando a expressão gênica. Padrões aberrantes de metilação da citosina do DNA, por exemplo, podem levar a anormalidades no desenvolvimento em espécies animais e vegetais. Portanto, a avaliação da paisagem epigenética pode ser crucial para a compreensão de fenótipos variantes e para o estabelecimento das estratégias de conservação genética. Ademais, as alterações fenotípicas, causadas nos indivíduos pelas marcas epigenéticas, podem ter valor adaptativo, pois podem ter efeito transgeracional, como na paramutação e *impriting* genômico. Portanto, mesmo que os descendentes já não se encontrem expostos aos estresses abióticos ou bióticos dos ancestrais, as alterações epigenéticas ainda podem ser encontradas (BARBOSA et al., 2018). Nesse contexto, estudos epigenéticos permitem compreender a diversidade biológica nos diferentes ambientes e interpretar as mudanças no epigenoma sob as flutuações ambientais.

O impacto das variações epigenéticas tem sido reportado em diferentes estudos. Por exemplo, o microbioma intestinal é relevante à biologia de diferentes espécies animais – inclusive de humanos – por influenciar, por exemplo, a biossíntese de neurotransmissores e a interação com as funções cerebrais por meio do eixo intestino-cérebro. Bengesser e demais autores (2019) relataram que a diversidade do microbioma bacteriano representa um fator ambiental interno, que pode influenciar os níveis de metilação da citosina de diferentes genes, como do gene arntl, que possui locus no cromossomo 11p15.3 em humanos (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/406), regulando a expressão da monoamina oxidase A.

É amplamente conhecida a inativação do cromossomo X, que pode influenciar entre 75% e 85% dos genes, aproximadamente, em um cariótipo XX em diferentes espécies, como a humana. Recentemente, os mecanismos epigenéticos têm sido demonstrados entre células com cariótipo XX e células com cariótipo XY, assim como os papéis na compensação de dose (efeito de dose) relacionada aos genes com loci no cromossomo X. As mudanças epigenéticas no cromossomo X são mediadas por RNAs não codificantes, e têm sido consideradas essenciais durante o desenvolvimento embrionário (sobrevivência) dos indivíduos XX e, certamente, em indivíduos com cariótipo XXY/XXX (LODA; COLLOMBET; HEARD , 2022).

Na genética da conservação, assim como em outras áreas da genética, evolução e ecologia, muitos autores investigam e decifram os mecanismos que contribuem para a variação fenotípica das diferentes espécies e seus efeitos nas interações ecológicas e na dinâmica evolutiva. A variação fenotípica determina a capacidade das plantas de se adaptarem a ambientes em mudança e colonizar novos hábitats. Nas últimas décadas, pesquisas sobre epigenética de plantas mostraram que a variação epigenética está relacionada à variação fenotípica, e algumas marcas epigenéticas conduzem a grandes mudanças fenotípicas nas plantas. Além disso, os epigenomas vegetais são altamente diversificados, dinâmicos e podem responder rapidamente a uma variedade de fatores estressores bióticos e abióticos. Por fim, a variação epigenética pode responder à seleção e, portanto, desempenhar um papel na evolução adaptativa (BOQUETE; MUYLE; ALONSO, 2021).

Desafios e perspectivas: um olhar para a diversidade cariotípica e epigenética

Em alguns contextos, a conservação de germoplasmas é um dos principais objetivos, especialmente para preservar a diversidade genética e epigenética de espécies de relevância econômica e/ou ecológica. Nesses casos, mudanças genéticas e epigenéticas são indesejáveis e, por isso, a aplicação de técnicas de avaliação do genoma e epigenoma devem ser periodicamente empregadas. Por outro lado, a baixa variabilidade genética de alguns germoplasmas tornam promissoras as estratégias que modificam o genoma e o epigenoma, gerando novos germoplasmas de uma espécie. Em todos os cenários, a caracterização genética e/ou epigenética, do cariótipo aos níveis de metilação, significa compreender as causas das mudanças fenotípicas e verificar o sucesso das estratégias empregadas.

Referências

BARBOSA, João *et al.* O papel da epigenética na compreensão das respostas dos organismos dulçaquícolas às flutuações ambientais: teria Lamarck razão? **CAPTAR**, v. 7, n. 1, p. 39-54, mar. 2018.

BENGESSER, Susanne A. *et al*. Epigenetics of the molecular clock and bacterial diversity in bipolar disorder. **Psychoneuroendocrinology**, v. 101, p. 160-166, mar. 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0306453018306747?via%3Dihub. Acesso em: 20 jan. 2023.

BOQUETE, M. Teresa; MUYLE, Aline; ALONSO, Conchita. Plant epigenetics: phenotypic and functional diversity beyond the DNA sequence. **American Journal of Botany**, v. 108, n. 4, p. 553-558, abr. 2021. Disponível em: https://bsapubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajb2.1645. Acesso em: 20 jan. 2020.

FERREIRA, Darley Aparecido T. *et al.* Karyotype and nuclear DNA content variation in *Passiflora* L. **Scientia Horticulturae**, v. 272, n. 109532, p. 1-12, out. 2020. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304423820303605. Acesso em: 20 jan. 2023.

GLASTAD, Karl M.; HUNT, Brendan G.; GOODISMAN, Michael A. D. Epigenetics in insects: genome regulation and the generation of phenotypic diversity. **Annual Review of Entomology**, v.64, p. 185-203, jan. 2019. Disponível em: https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev-ento-011118-111914. Acesso em: 20 jan. 2023.

GUERRA, Marcelo S. Reviewing the chromosome nomenclature of Levan et al. **Revista Brasileira de Genética**, v. 9, p. 741-743, 1986. Disponível em: https://www.ege.fcen.uba.ar/wp-content/uploads/2014/05/Review-Nomenclature-Levan_rev-Brasil-Genet_1986.pdf. Acesso em: 20 jan. 2023.

LODA, Agnese; COLLOMBET, Samuel; HEARD, Edith. Gene regulation in time and space during X-chromosome inactivation. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 23, p. 231-249, 2022. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41580-021-00438-7. Acesso em: 20 jan. 2023.

MICOLINO, Ricardo *et al.* Chromosomal dynamics in space and time: evolutionary history of *Mycetophylax* ants across past climatic changes in the Brazilian Atlantic coast. **Scientific Reports**, v. 9, n. 18800, p. 1-13, dez. 2019. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41598-019-55135-5. Acesso em: 20 jan. 2023.

NEUMANN, Pavel *et al.* Epigenetic histone marks of extended meta-polycentric centromeres of *Lathyrus* and *Pisum* chromosomes. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, n. 234, p. 1-11, mar. 2016. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2016.00234/full. Acesso em: 20 jan. 2023.

RAJU, Namboori B. *Neurospora* as a model fungus for studies in cytogenetics and sexual biology at Stanford. **Journal of Biosciences**, v. 34, p. 139-159, mar. 2009. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s12038-009-0015-5. Acesso em: 20 jan. 2023.

REINSALU, Olavi *et al.* A dual colour FISH method for routine validation of sexed *Bos taurus* semen. **BMC Veterinary Research**, v. 15, n. 104, p. 1-8, abr. 2019. Disponível em: https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-019-1839-3. Acesso em: 20 jan. 2023.

SADER, Mariela A. *et al.* The role of chromosome changes in the diversification of *Passiflora* L. (Passifloraceae). **Systematics and Biodiversity**, v. 17, n. 1, p. 7-21, jan. 2019. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/14772000.2018.1546777. Acesso em: 20 jan. 2023.

SATTLER, Mariana C.; CARVALHO, Carlos R.; CLARINDO, Wellington R. The polyploidy and its key role in plant breeding. **Planta**, v. 243, n. 2, p. 281-296, fev. 2016. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00425-015-2450-x. Acesso em: 20 jan. 2023.

SCHULZ, Benjamin; ECKSTEIN, R. Lutz; DURKA, Walter. Pontuação e análise de polimorfismos de amplificação sensíveis à metilação para estudos epigenéticos populacionais. **Molecular Ecology Resources**, v. 13, n. 4, p. 642-653, abr. 2013.

TESSADORI, Frederico; VAN DRIEL, Roel; FRANSZ, Paul. Cytogenetics as a tool to study gene regulation. **TRENDS in Plant Science**, v. 9, n. 3, p. 147-153, mar. 2004. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1360138504000263. Acesso em: 20 jan. 2023.

TULER, Amélia C. *et al.* Diversification and geographical distribution of *Psidium* (Myrtaceae) species with distinct ploidy levels. **Trees**, v. 33, p. 1101-1110, abr. 2019. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00468-019-01845-2. Acesso em: 20 jan. 2023.

WALLING, Jason G. *et al*. Chromosome-level homeology in paleopolyploid soybean (*Glycine max*) revealed through integration of genetic and chromosome maps. **Genetics**, v. 172, n. 3, p. 1893-1900, mar. 2006. Disponível em: https://academic.oup.com/genetics/article/172/3/1893/6060571?login=true. Acesso em: 20 jan. 2023.

WANG, Qin Meo; WANG, Li. An evolutionary view of plant tissue culture: somaclonal variation and selection. **Plant Cell Rep**, v. 31, n. 9, p. 1535-1547, set. 2012. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00299-012-1281-5. Acesso em: 20 jan. 2023.

WIELOCH, Wioletta. Chromosome visualisation in filamentous fungi. **Journal of Microbiological Methods**, v. 67, n. 1, p. 1-8, out. 2006. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167701206001862?via%3Dihub. Acesso em: 20 jan. 2023.

ZHANG, Huiming; LANG, Zhaobo; ZHU, Jian-Kang. Dynamics and function of DNA methylation in plants. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 19, p. 489-506, maio 2018. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41580-018-0016-z#:~:text=other%20developmental%20processes.,DNA%20methylation%20dynamics,genomic%20regions%20by%20distinct%20pathways. Acesso em: 20 jan. 2023.

CAPÍTULO 6

Conservação de recursos genéticos vegetais

Francis Julio Fagundes Lopes

Marlene Pires Moreira

Livia Cristina da Silva

Jheniffer Abeldt Christ

Introdução

Uma das maiores preocupações em relação à qualidade do ambiente tem sido a conservação da biodiversidade vegetal. O Brasil apresenta uma mega biodiversidade vegetal, abrigando cerca de 18.000 espécies endêmicas (ZAPPI et al., 2015), além de muitas espécies ameaçadas de extinção, o que já justifica a necessidade de estudos relacionados à conservação de recursos genéticos vegetais. Uma baixa biodiversidade vegetal representa uma grave ameaça à vida, assim como a perda de plantas com grande potencial para descoberta de biomoléculas para a produção de fármacos e defensivos agrícolas, por exemplo.

Em 1992, durante a Reunião ECO 92, países membros da Organização das Nações Unidas (ONU) discutiram ações para a conservação da diversidade biológica por meio da criação da Convenção da Diversidade Biológica (CDB). Em 2002, os países signatários da CDB estabeleceram um plano para a conservação da biodiversidade vegetal, denominado Estratégia Global para Conservação Vegetal (GSPC). Desde a ECO 92, esforços têm sido concentrados no Brasil e no mundo para catalogar e preservar a riqueza florística.

A conservação da diversidade genética de espécies cultivadas também é importante, visto que o melhoramento genético e o uso irrestrito de um pequeno número de cultivares para algumas espécies plantadas pode reduzir a heterogeneidade genética ao longo do tempo. Bancos de germoplasmas de espécies cultivadas, primitivas ou "crioulas" constituem um importante repositório para a introgressão de alelos relacionados à rusticidade, resistência e tolerância a estresses

bióticos e abióticos em variedades modernas. As principais atividades relacionadas aos estudos e à conservação dos recursos genéticos vegetais estão resumidas na Figura 1, sobre as quais iremos tratar neste capítulo.

Figura 1: Atividades relacionadas à conservação dos recursos genéticos vegetais

Fonte: elaborada pelos autores.

Coleta e catalogação dos recursos genéticos vegetais

A conservação dos recursos genéticos vegetais requer expedições a campo para levantamento e catalogação da flora por parte de profissionais qualificados em taxonomia vegetal. A taxonomia vegetal é um dos campos de estudo mais antigos da história da ciência, pois ela representa o

despertar da humanidade para a variabilidade de espécies e para a importância de conhecer, utilizar, preservar e usufruir os serviços ecológicos prestados pelas plantas.

Coleta e conservação de materiais botânicos para herbários

Todo esforço para conservação e uso dos recursos genéticos vegetais começa com as coletas por meio de expedições a campo. Informações acerca do indivíduo coletado, como tamanho, cor, cheiro, hábito e hábitat, são anotadas em um caderno de campo. Essas informações serão importantes para a identificação da espécie em questão. Cada indivíduo recebe um número de coletor somado às iniciais e ao sobrenome do coletor, que reflete o número de coletas realizadas.

Assim, cada coletor só pode ter uma planta com o mesmo número (por exemplo, J.A. Christ 01). A Figura 2 ilustra as etapas do preparo da amostra do espécime para a conservação em herbários botânicos na forma de exsicata. Os ramos são coletados – de preferência floridos e com frutos – e a amostra é, então, prensada entre jornais e uma placa de madeira ou prensa e colocada em estufa a 60°C por cerca de três dias. Depois de seca, a amostra é montada sobre cartolina, momento em que recebe uma etiqueta com as informações que o coletor disponibilizou, tais como: identificação taxonômica do espécime, local de coleta, nome do coletor, descrição da formação vegetativa e o tipo de ambiente em que foi coletada. Além disso, o espécime recebe um código único e universal. Por fim, a exsicata é depositada em um herbário, um local com umidade e temperatura controladas

que preservará a exsicata do ataque de pragas, comumente insetos, fungos ou bactérias.

Os herbários são análogos a "bibliotecas" de coleções de plantas, constituindo um registro permanente da biodiversidade. Além disso, são fontes de informações para trabalhos que envolvem pesquisas sobre diversidade biológica, botânica e recursos genéticos. Dessa forma, o herbário é um testemunho acerca da biodiversidade de determinada região. A manutenção de uma coleção em herbário permite, também, acompanhar a fenologia de cada espécie estudada, dando suporte para vários estudos, como os de produção de mudas, manejo florestal e escolha de espécies para reconstituição de áreas degradadas.

O taxonomista é o profissional que atua diretamente nos herbários, identificando as amostras depositadas e zelando pela sua preservação. A taxonomia se baseia na morfologia externa da planta, podendo incluir, também, características anatômicas dos órgãos, estudos de palinologia (pólen), entre outros. No herbário, a identificação ocorre principalmente pelo método de comparação. Ao descrever uma nova espécie, um material TIPO é designado. Esse material representa a espécie em relação à morfologia, sendo utilizado como base de comparação para identificar outros espécimes. Saber o nome de uma espécie é a base para todo e qualquer estudo envolvendo vegetais e, por isso, a nomenclatura científica é uma linguagem universal, visto que uma espécie apresenta apenas um nome reconhecido mundialmente, o que permite o diálogo entre especialistas de diversos países e diversas áreas do conhecimento.

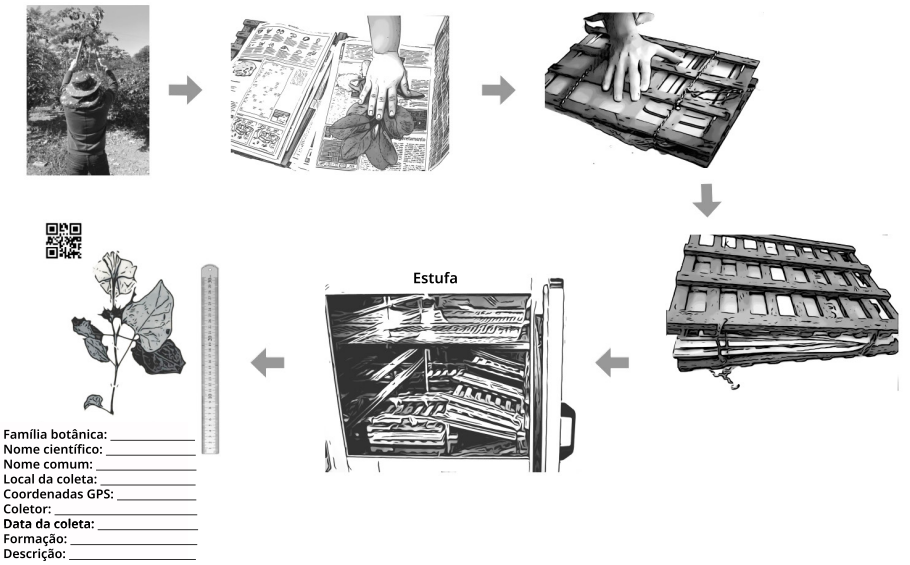


Figura 2: Coleta e preparo de exsicata de exemplar botânico para depósito em herbário

Fonte: elaborada por Francis Julio Fagundes Lopes, herborização, Ouro Verde de Goiás, junho de 2020.

Rede de informações da flora brasileira: inventários e herbários virtuais

O trabalho taxonômico de identificação e catalogação da flora brasileira data de meados do século XVIII. Na época, tiveram início as primeiras excursões de naturalistas estrangeiros e alguns poucos botânicos brasileiros, em que as coletas de espécies da flora brasileira eram enviadas para herbários europeus ("Flora Brasiliensis"). Desde 2010, por meio do Edital Reflora, lançado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), teve início um trabalho

intensivo de resgate de imagens e outras informações para a construção do Herbário Virtual Brasileiro Reflora.[1] Esse projeto contou com o apoio de vários herbários europeus e americanos para o repatriamento de informações acerca de espécies brasileiras depositadas em herbários, museus e outras instituições no exterior. Desde então, milhares de imagens de espécies da flora brasileira já foram repatriadas a partir do Jardim Botânico de Nova York, do Jardim Botânico da Universidade de Missouri, do Jardim Botânico de Kew e do Museu de História Natural de Paris (FIORAVANTI, 2015).

Desde 2008, no âmbito das GSPC (do inglês Global Strategy for Plant Conservation, instituídas em 2002),[2] o Jardim Botânico do Rio de Janeiro tem coordenado a elaboração de um inventário acerca das plantas, fungos e algas ocorrentes no Brasil, denominado "Lista das espécies da Flora do Brasil". O projeto envolveu cerca de 400 taxonomistas dedicados ao levantamento de todas as espécies de plantas, fungos e algas encontrados no Brasil. Desde 2010, essas informações têm sido reunidas no *website* da Lista de Espécies da Flora Brasileira, em um sistema *on-line* que passa por constantes atualizações com a catalogação de fungos, briófitas, algas, samambaias, licófitas, gimnospermas e angiospermas. O projeto foi encerrado em novembro de 2015, com a publicação de cinco artigos e uma base de dados disponível para

1 O herbário virtual pode ser acessado pelo *link*: http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/herbarioVirtual/ConsultaPublicoHVUC/ConsultaPublicoHVUC.do.

2 CONVENÇÃO sobre diversidade biológica = CONVENTION on biological diversity. 7-19 abr. 2002. Disponível em: https://www.cbd.int/doc/meetings/cop/cop-06/information/cop-06-inf-21-add1-en.pdf. Acesso em: 1 jul. 2020.

consulta *on-line*[3] (REFLORA, 2020; COSTA; PERALTA, 2015; PRADO et al., 2015; ZAPPI et al., 2015). A partir de 2016, novas metas foram estabelecidas pela GSPC-CDB, dando origem ao projeto Flora do Brasil 2020,[4] que integra a base de dados do Reflora. Essa base é reconhecida internacionalmente como a mais rica do mundo e tem como objetivo disponibilizar descrições, chaves de identificação e ilustrações para todas as espécies de plantas, algas e fungos conhecidos para o país. Além disso, também busca catalogar as espécies do Brasil, disponibilizar informações nomenclaturais e de distribuição geográfica, como abrangência no Brasil, endemismo e domínios fitogeográficos e incluir dados sobre formas de vida, substrato e tipos de vegetação de ocorrência.

O conhecimento de distribuição e ocorrência das espécies nos diferentes domínios fitogeográficos no Brasil permite gerir políticas para a criação de áreas de conservação *ex situ* e o uso sustentável da biodiversidade. Devido às dimensões continentais e à mega biodiversidade florística no Brasil, é fundamental coordenar e integrar os trabalhos de catalogação, com emprego de recursos humanos qualificados e computacionais e com investimento contínuo nas chamadas E-Infraestruturas, a exemplo do portal speciesLink[5] (CANHOS et al., 2015).

3 N.E.: Disponível em: https://ckan.jbrj.gov.br/dataset/floradobrasil. Acesso em: 25 set. 2023.

4 Disponível em: http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/ConsultaPublicaUC/ConsultaPublicaUC.do#CondicaoTaxonC.

5 N.E.: Disponível em: https://specieslink.net/. Acesso em: 25 set. 2023.

Conservação do germoplasma

Os bancos de germoplasma preservam a variabilidade genética das populações de plantas, constituindo bancos vivos de genes. Neste tópico, apresentamos conceitos fundamentais à conservação e caracterização do germoplasma de plantas.

Bancos de germoplasma

Enquanto os herbários constituem coleções de exsicatas de espécimes vegetais preservadas para estudos taxonômicos e de registros de ocorrências de espécies em domínios fitogeográficos para décadas ou centenas de anos, os bancos de germoplasmas estabelecem repositórios de exemplares de estruturas vegetativas ou reprodutivas vivas de um organismo – ou, até mesmo, do próprio organismo – que podem ser utilizadas para uma futura recuperação da variabilidade genética. No caso de plantas, as estruturas que podem ser consideradas germoplasmas são sementes, bulbos, miniestacas, embriões, pólen, óvulos, tecidos e células somáticas. A conservação de germoplasmas se dá de três diferentes maneiras: *in situ*, *ex situ* e *on farm* (CRISTINA et al., 2019).

Conservação *in situ*, *ex situ* e *on farm*

A conservação de espécies vegetais *in situ* se dá pela preservação da vegetação nativa em propriedades rurais, na forma de Área de Proteção Permanente (APP), de reserva legal e por meio de proteção federal ou estadual de parte representativa do bioma na forma de parques e reservas. Essas ações para conservação *in situ* visam à proteção e recuperação de partes do ecossistema que foram, ao longo do tempo, eliminadas por atividades econômicas, como o extrativismo de

madeira, a mineração e a formação de pastos para a pecuária e pela agricultura.

A conservação *ex situ* de uma coleção de germoplasmas, portanto fora do local de ocorrência natural da espécie, pode se dar pelo cultivo dessa espécie em hortos botânicos e viveiros ou por meio da preservação de propágulos por criopreservação ou crescimento mínimo (cultivo *in vitro*). A conservação *ex situ* é muito importante para salvaguardar espécies nativas ameaçadas de extinção devido a ações antrópicas, como a intensa fragmentação de hábitat (gerada pela expansão desordenada de empreendimentos imobiliários), formação de pastos, agricultura extensiva com monocultura, uso indiscriminado de defensivos agrícolas que possam afetar a microbiota do solo e a vida de insetos polinizadores, ou, ainda, pelas mudanças climáticas em curso. A conservação *ex situ* de germoplasma de espécies nativas, principalmente as que apresentam elevado endemismo, possibilita ações futuras de reflorestamento e recuperação de áreas degradadas. Endemismo se refere a uma condição na qual uma espécie está restrita a uma região geográfica particular como resultado de uma combinação de fatores abióticos ou de isolamento geográfico (ENDEMISMO, 2010).

No caso de espécies cultivadas ou domesticadas, a conservação *in situ* se dá, comumente, pela preservação das espécies que se adaptaram a um local particular ao longo do tempo, seja pela influência das atividades de agricultura ou pelo intercâmbio de materiais entre as famílias rurais locais. Em uma propriedade rural familiar, podem-se encontrar variedades mais primitivas ou "crioulas", que são uma importante

fonte de variabilidade genética natural à qual se pode recorrer para a recuperação de características desejáveis em programas de melhoramento genético de espécies cultivadas. Dessa forma, é comum o uso do termo "conservação *on farm*" para fazer referência à conservação *in situ* de recursos genéticos relativos às espécies cultivadas em diferentes graus de domesticação, devido à manipulação genética involuntária e sujeita aos componentes socioculturais típicos do modo de vida no campo (CRISTINA et al., 2019).

Em programas de melhoramento genético de plantas cultivadas, as coleções de germoplasmas conservadas *ex situ* facilitam os trabalhos de cruzamentos e seleções. Por exemplo, o programa de melhoramento genético para a cana-de-açúcar, conduzido pela Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (Ridesa), possui coleções de germoplasmas distribuídos nas universidades que compõem a rede, além de estações de cruzamento e seleção de novos clones (RIDESA, 2020).

A conservação de recursos genéticos de espécies cultivadas por meio de bancos de germoplasmas visa preservar a variabilidade genética da espécie, a qual pode ser explorada para a triagem de genes e QTLs (Quantitative Trait Locus) para características de interesse do melhorista, como a resistência a doenças, tolerância a estresses abióticos, altura, produtividade de grãos etc.

Contudo, o melhoramento genético e a adoção de poucas cultivares oriundas desse processo pode ocasionar a vulnerabilidade da cultivar devido à evolução dos patógenos e pragas

ao longo dos anos. Nesse sentido, os bancos de germoplasma de espécimes vegetais podem ser acessados para a triagem de genes de resistência sempre que um fitopatógeno e suas variantes ressurgirem. Um exemplo disso é o patossistema bananeira x *Fusarium oxysporum f.* sp. *cubense* TR4 (raça tropical 4). Em 2019, foi emitido na Colômbia um alerta para a possível recorrência da pandemia da fusariose da bananeira, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum f.* sp. cubense TR4 (raça tropical 4) (INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERAÇÃO PARA A AGRICULTURA, 2019). Acredita-se que a fusariose da bananeira teria surgido, a princípio, na Ásia, onde o fungo coevoluiu com a cultura da banana. A fitopatogênese desse fungo, que normalmente vive no solo, caracteriza-se pela murcha das folhas e morte das plantas devido à invasão do sistema vascular. A doença é de difícil controle, uma vez que as plantas infectadas demoram muito a manifestar a doença, elevando a transmissão na fase assintomática. Na década de 1950, plantações foram dizimadas na América Central devido ao intercâmbio e cultivo em grande escala de um material praticamente clone de uma única variedade, a Gros Michel ou "Big Mike", que produzia frutos maiores e de maior longevidade até a comercialização. Essas características promoveram sua rápida adoção no sistema de monocultura intensiva, associada ao uso, também intensivo, de adubos químicos e defensivos agrícolas que degradaram a qualidade do solo, empobrecendo a biodiversidade da microbiota que faz o controle biológico natural do *Fusarium oxysporum* TR4. Na década de 1960, a variedade Cavendish surgia como referência na cultura da banana. Em pouco tempo, clones oriundos da variedade Cavendish foram amplamente adotados, novamente em sistema de monocultivo, repetindo a ocorrência das condições

para o surgimento do *Fusarium oxysporum* TR4. Na década de 1990, o ressurgimento da fusariose dizimou plantações de bananeiras e ficou conhecida como mal-do-Panamá (GRAY, 2020). Nesse contexto, os sistemas de produção orgânica e os Sistemas Agroflorestais de Cultivo (SAFs) têm recebido grande atenção. Esses sistemas se fundamentam na preservação da biodiversidade no local de cultivo, o que contribui para o controle natural de doenças (LOMBA; CASTRO, 2017).

Embora a conservação *ex situ* seja muito importante, ela consegue garantir apenas parte da biodiversidade que potencialmente poderia ser alcançada na situação *in situ*, uma vez que esta abriga a complexidade das múltiplas interações solo-clima-microrganismos-plantas-animais, situação que a conservação *ex situ* não poderia abarcar (CHANDRA; ENESPA, 2019).

Outro aspecto importante a se considerar em relação à conservação *ex situ* é que uma planta mantida nessa condição pode, eventualmente, acumular mudanças morfológicas ou fisiológicas em relação às plantas que crescem na condição *in situ*. Essas alterações podem ser de ordem genética – quando ocorrem alterações nas sequências de bases do DNA – ou epigenéticas. Neste último caso, as mudanças observadas resultam de alterações nos padrões de expressão de genes devido a mudanças no estado de metilação do DNA ou das histonas (STELPFLUG et al., 2014; TRICKER et al., 2012; KAEPPLER; RHEE; KAEPPLER, 2000; KITIMU et al., 2015). A condição de conservação *ex situ* que mais pode propiciar alterações do tipo epigenética é o cultivo *in vitro*, que utiliza técnicas

de cultura de tecidos vegetais, tema abordado no próximo capítulo deste livro.

Conservação *ex situ* de sementes

Os propágulos mais utilizados para a conservação de germoplasma são as sementes. Por isso, a compreensão da fisiologia de sementes, da estrutura genética da população e do sistema de reprodução da espécie a ser conservada são importantes para o estabelecimento de coleções de germoplasmas de sementes.

A representatividade genética populacional de uma espécie por meio da coleção de sementes tem relação com o modo de reprodução das plantas. Espécies autógamas, ou seja, as que apresentam autopolinização para o desenvolvimento do fruto, tendem a ter baixa variabilidade genética (EHLERS; PEDERSEN, 2008) e podem ser representadas por uma quantidade bem menor de sementes em um banco de germoplamas de sementes. Essa premissa se estende às espécies que apresentam propagação vegetativa, que podem ser geneticamente representadas por uma pequena quantidade de bulbos ou mini estacas. Por outro lado, espécies alógamas tendem a apresentar populações geneticamente mais complexas devido à polinização cruzada, o que, na prática, exigiria uma maior quantidade de sementes na coleção.

A longevidade das sementes tem relação com sua história evolutiva e com a ecologia das espécies. Existem sementes muito longevas, que podem aguardar por anos, décadas ou séculos para germinarem, e outras cuja longevidade é curta (semanas ou meses). Sementes de *Silene stenophylla*, uma

planta nativa da Sibéria, enterradas por cerca de 32 mil anos a 38 metros de profundidade no *permafrost* (pergelissolo) puderam ser germinadas e deram origem a plantas que cresceram e floresceram (KAUFMAN, 2012).

A longevidade da semente resulta da combinação de sua fisiologia com as condições ambientais em que ela permanece armazenada. Um dos fatores fisiológicos é o grau de umidade mínimo atingido na sua maturidade fisiológica que elas podem suportar, sem que o embrião sofra danos fisiológicos. Conforme o grau mínimo de umidade suportável pelo embrião, as sementes são tecnicamente classificadas em ortodoxas, intermediárias ou recalcitrantes (BARBEDO; CENTENO; RIBEIRO, 2013; ROBERTS, 1973).

As sementes ortodoxas toleram níveis mínimos de umidade em torno de 10%, sem sofrer danos. Isso permite que os embriões permaneçam vivos, com um metabolismo basal extremamente baixo, e que elas sejam menos suscetíveis ao ataque de patógenos durante o seu armazenamento. Por outro lado, as sementes recalcitrantes não toleram grandes reduções do seu teor de umidade, o qual deve ser mantido relativamente alto (em torno de 30%). As intermediárias se situam entre as ortodoxas e as recalcitrantes em termos de teor mínimo de umidade tolerada. O requerimento por maior teor de umidade para que o embrião permaneça vivo implica maior susceptibilidade ao ataque de patógenos, como fungos e bactérias, e também taxas metabólicas mais elevadas, ocasionando consumo mais rápido de reservas e, portanto, menor longevidade durante o armazenamento.

A dormência das sementes é um estado de repouso fisiológico em que o embrião se encontra em estado latente (quiescente). Também denominado de criptobiose, esse estado pode ocorrer em algumas plantas, animais e microrganismos sob condições ambientais extremas ou desfavoráveis. A dormência em sementes pode ocorrer mesmo em condições ambientais favoráveis, nas quais as sementes de várias espécies não germinam devido a uma série de fatores intrínsecos, que, por sua vez, constituem mecanismos bloqueadores da germinação e estão relacionados à estrutura e à presença de inibidores químicos na semente. Na natureza, a dormência apresenta duas vantagens naturais para as plantas: impedir que a semente germine em períodos desfavoráveis para a sobrevivência da plântula no ambiente e impedir a viviparidade (germinação da semente enquanto ela ainda está ligada à planta-mãe).

Pode-se, ainda, classificar a dormência em dois tipos: primária ou secundária (KHAN, 1980). Na dormência primária, o estado dormente é adquirido durante a formação da semente e pode se dar por pelo menos três razões:

1. Mesmo após a liberação da semente, o embrião precisaria terminar o seu desenvolvimento;
2. A presença de estruturas em torno do embrião, como o tegumento, que dificultariam a absorção de água, a difusão de oxigênio para o embrião respirar ou mesmo a difusão de inibidores da germinação para o meio externo;
3. Devido ao acúmulo de inibidores no tecido embrionário (ABA e compostos fenólicos como taninos, ácido

clorogênico, ácidos ferúlicos, entre outros) ou, ainda, à falta de alguma substância promotora.

Já a dormência secundária é adquirida após a dispersão da semente, quando o meio não possui as condições adequadas para a germinação (KHAN, 1980).

A conservação de germoplasma a partir de sementes dormentes conta, portanto, com essa propriedade da dormência natural, encontrada em muitas espécies. Contudo, a viabilidade das sementes deve ser periodicamente avaliada para determinar o limite máximo de tempo em que o banco de germoplasma para uma certa espécie se mantenha viável. Testes de germinação periódicos em substratos, com TTC (cloreto de 2,3,5 – trifenil tetrazólio) e de respirometria, podem indicar a viabilidade das sementes armazenadas.

A Figura 3 ilustra o mais famoso banco de germoplasmas de sementes do mundo, que fica na Noruega e foi inaugurado em 2008, o banco (ou cofre) de sementes de Svalbard.[6] Ele fica instalado na escavação de uma montanha rochosa com *permafrost* e temperatura estável em torno de 3°C, contando com um sistema adicional de refrigeração interna que mantém a temperatura estável em torno de -18°C. O banco inclui sementes de mais de 5 mil espécies de plantas de interesse agronômico, alimentar e científico.

6 Disponível em: https://www.seedvault.no/.

Figura 3: Cofre de sementes de Svalbard, na Noruega
Fonte: Miksu.[7]

Em estudos de caracterização funcional de genes, bancos de germoplasmas de sementes de plantas modelo disponibilizam acessos com diferentes "backgrounds" genéticos, o que é extremamente importante em termos de pesquisa básica nas áreas de fisiologia e genética e tem possibilitado a elucidação da função de vários genes de plantas, desde o início dos projetos relacionados ao estudo do genoma funcional das plantas. Plantas modelo possuem genomas relativamente pequenos e menos complexos, permitindo estudos de genes e do metabolismo, os quais podem ser extrapolados para plantas de difícil estudo. Um exemplo de banco de germoplasma de planta modelo é o banco de sementes de mutantes de *Arabidopsis thaliana* (ARABIDOPSIS BIOLOGICAL RESOURCE CENTER, 2020). Esses bancos de sementes de mutantes de plantas modelo para estudos genéticos, fisiológicos, entre outros, são acessados por pesquisadores do

7 Imagem sob licença Creative Commons 3.0. Disponível em: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Global_Seed_Vault_(cropped).jpg.

mundo inteiro. Para cada acesso depositado nesses bancos, as sementes podem ser solicitadas mediante o pagamento de uma taxa, que é utilizada para a sua manutenção contínua.

Caracterização dos recursos genéticos vegetais

Na natureza, as variedades (categoria taxonômica infraespecífica) de plantas ocorrem naturalmente por polinização natural ou por cruzamentos controlados pelo homem. Esses cruzamentos originam os genótipos, que podem ser selecionados para cultivo ou para novos ciclos de cruzamento e seleção. Nesse sentido, é imprescindível a caracterização dos recursos genéticos para o manejo adequado da biodiversidade.

A caracterização dos recursos genéticos para manejo da flora, recomposição de sua biodiversidade, repatriamento de espécies ameaçadas de extinção e estimativa da diversidade genética da coleção leva em consideração critérios de classificação sistemática (dados taxonômicos, filogenéticos, ecológicos e paleontológicos). Em se tratando de plantas cultivadas, a caracterização também pode reunir informações mais aplicadas para o uso em programas de melhoramento genético, tais como produtividade, marcadores genéticos e caracteres agronômicos de interesse. A caracterização da coleção de germoplasmas serve também para a identificação de material biológico redundante na coleção, afinal, a coleção de germoplasmas se trata também de uma coleção de genes.

Quando caracterizamos, de forma quantitativa ou subjetiva, os aspectos morfológicos, anatômicos, moleculares ou

fisiológicos de um determinado germoplasma, passamos a ter a informação do que chamamos de "descritores". Eles são, portanto, as características descritas para cada acesso do banco de germoplasma. A lista de descritores para cada acesso do banco de germoplasma compreende um registro muito importante para a identificação e a valoração dos germoplasmas, de forma a orientar a escolha das espécies ou variedades de interesse. Quando se trata de germoplasma de espécie ainda não caracterizada, a caracterização começará pela definição dos descritores a serem utilizados para a espécie em questão. Normalmente, os responsáveis pela caracterização de um germoplasma são pesquisadores e curadores de coleções de germoplasmas. A escolha dos descritores mais adequados normalmente é feita mediante consulta às diretrizes da International Union for the Protection of New Varieties of Plants (Upov). A definição dos melhores descritores envolve discussões amplas entre especialistas que trabalham com a família e o gênero botânico do germoplasma em questão, quando se trata de espécies muito singulares.

O material genético (ácido nucleico) não faz parte de uma coleção ou banco de germoplasma vegetal, pois não é possível, apenas a partir dele, recuperar uma planta. Ainda assim, coleções *ex situ* de DNA, mantidas em ultra-freezers, servem para os estudos de caracterização de espécies ou populações por meio de marcadores moleculares, construção de bibliotecas genômicas para estudos de genoma estrutural e clonagem de genes para estudos funcionais. A caracterização da variabilidade genética de uma coleção de germoplasmas por seu DNA, previamente extraído e mantido em ultra-freezers, possibilita a redução do número de acessos repetidos

na coleção, a condução de estudos de taxonomia molecular e de estruturação populacional de uma espécie e a triagem de genes e QTLs relacionados a características particulares.

Caracterização morfoagronômica

A caracterização morfoagronômica consiste na anotação de descritores botânicos facilmente observáveis a olho nu (caracteres qualitativos) ou mensuráveis, fundamentados em marcadores fenotípicos herdáveis, igualmente expressos em diferentes ambientes e que podem representar algum interesse agronômico. Os descritores morfoagronômicos devem se basear em características altamente herdáveis, controladas por poucos genes e com pouca ou nenhuma interação do tipo "genótipo x ambiente", ou seja, com expressão uniforme, independentemente do ambiente em que a cultura esteja inserida (BURLE; OLIVEIRA, 2010).

A caracterização morfoagronômica é feita assim que o germoplasma é incorporado à coleção e permite estimar a variabilidade e a integridade deste, além de nortear o planejamento de diretrizes para sua conservação, bem como reduzir os custos de manutenção. Existem diversos descritores morfológicos definidos para cada espécie ou para espécies semelhantes, tais como período de floração e frutificação, tipos de flores, frutos, folhas e sementes (RANGEL et al., 2013). A caracterização morfológica deve seguir padrões mundiais, pois facilita o intercâmbio e a utilização do germoplasma. A escolha dos descritores deve abranger características distintas da planta (hábito de crescimento, ciclo da planta, caracteres da folha, do caule, da flor, dos frutos e das sementes); A variabilidade dentro

da amostra avaliada não deve permitir ambiguidades para ser de fácil aplicação (BURLE; OLIVEIRA, 2010).

Para a descrição morfológica, deve-se consultar o *site* do Bioversity International (CONSULTATIVE GROUP ON INTERNATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH, 2023), no qual é possível verificar se existe um catálogo publicado de descritores. Trata-se de uma instituição internacional de pesquisas, relacionada à conservação e à utilização dos recursos genéticos, e que pertence ao sistema Consultative Group on International Agricultural Research (CGIAR) (GOTOR; TSIGAS, 2011). Caso não haja descritores morfológicos catalogados para a espécie estudada, devem-se tomar por base espécies semelhantes (mesmo gênero ou família) que já possuam uma lista publicada pelo Bioversity International. Pode-se tomar como exemplo a caracterização morfológica realizada no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) para acessos de feijoeiro, da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás (GO). Esse BAG apresenta mais de 15 mil acessos de feijoeiro armazenados na sua coleção base, tornando-se de grande importância para a sua conservação *ex situ*.

Tomando por exemplo o feijão, são utilizados nesse BAG os descritores de ambiente e local, bem como os descritores de caracterização recomendados pela Bioversity International (RANGEL et al., 2013). Os descritores de ambiente e local utilizados são: país de caracterização, instituição onde o acesso foi caracterizado, caracterização do local de avaliação (coordenadas geográficas, dados de solo e clima) e datas da semeadura e coleta. Já entre os descritores de caracterização dos acessos, podemos citar: cor predominante das

flores, comprimento do folíolo central, número de vagens por planta, comprimento e largura da vagem, floração e hábito de crescimento, como exemplificado na Figura 4.

A identificação, a diferenciação e a separação dos acessos, etapas necessárias à composição de uma coleção nuclear (*core collection*), utilizam dados fenotípicos e ecogeográficos de descritores que serão comparados aos pares para avaliar a similaridade/dissimilaridade entre eles, podendo estimar um coeficiente de parecença, o qual permite verificar o grau de parentesco entre os acessos.

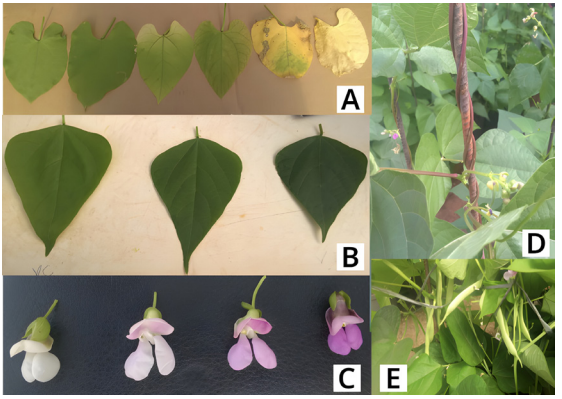


Figura 4: Alguns descritores morfológicos utilizados para estimar o coeficiente de parecença entre acessos de feijoeiro comum. Na porção "A", senescência da folha primária; na "B", cor da folha; na "C", cor da flor; na porção "D", antocianina no caule; e, na "E", fase reprodutiva

Fonte: fotos produzidas por Livia C. da Silva durante aula prática de manejo e conservação de recursos genéticos (2016).

Caracterização molecular

Os descritores morfológicos podem limitar o conhecimento da variabilidade genética das espécies em estudo, pois descrevem somente características altamente herdáveis e pouco influenciáveis pelo ambiente. A caracterização molecular, por meio de marcadores moleculares, permite conhecer os aspectos genotípicos dos acessos dos bancos de germoplasma. As etapas da caracterização dos acessos de um banco de germoplasmas de sementes estão descritas na Figura 5. Essas etapas envolvem o resgate das sementes que foram previamente acondicionadas em uma câmara fria, o plantio das sementes em substrato – tomando cuidado com a correta identificação de cada acesso em cada vaso de plantio –, a obtenção de amostras de ácido nucleico de cada acesso – normalmente feita a partir de material foliar –, a escolha dos marcadores a serem utilizados e a aplicação da técnica envolvendo o marcador em questão.

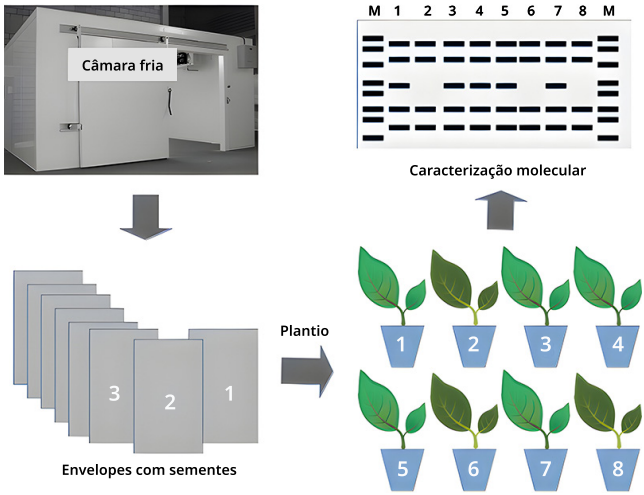


Figura 5: Etapas da estimativa da variabilidade genética de um banco de germoplasma de sementes por meio de marcadores moleculares polimórficos

Fonte: elaborada por Francis Julio F. Lopes. Ícone de câmara fria criado por Good Ware – Flaticon. Licença de uso gratuita.

Marcadores moleculares podem identificar o polimorfismo detectado na sequência do DNA, em uma região expressa ou não do genoma, revelando diferenças presentes no mesmo gene (variabilidade genética) dos indivíduos analisados (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1996) e permitindo distinguir indivíduos homozigotos de heterozigotos.

Os marcadores moleculares comumente utilizados em análise molecular são os AFLP (polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados), RAPD (polimorfismo de DNA amplificado aleatoriamente), microssatélites ou SSR (repetições de sequência simples), RFLP (polimorfismo de comprimento de

fragmentos de restrição) e os SNPs (polimorfismo de um único nucleotídeo). Destes, SSRs e SNPs são considerados marcadores co-dominantes, enquanto RAPD e AFLP são considerados dominantes. SNPs podem distinguir indivíduos que diferem em apenas um nucleotídeo na sequência de DNA, codificadora ou não. Os SNPs mais comuns são os de transição (em que uma base púrica é substituída por outra púrica) e de transversão (em que uma base púrica é substituída por uma pirimídica, ou vice-versa) (WEISING et al., 2005). A descrição molecular permite, com maior segurança, descrever as diferenças entre os acessos e obter mais informações úteis ao melhoramento genético, além de servir como complementação a técnicas morfológicas, bioquímicas e citológicas (WEISING et al., 2005).

Caracterizações morfológicas, agronômicas e bioquímicas são alternativas à caracterização molecular. Contudo, vale ressaltar que essas estratégias não são tão precisas, uma vez que a maioria dos caracteres tem natureza quantitativa e herdabilidade variável, demandando experimentos maiores, tempo mais longo para avaliação em campo e diferentes localidades para investigar o efeito de ambiente. Por outro lado, a caracterização molecular demanda estrutura laboratorial, mão de obra qualificada e insumos relativamente caros, mas cobrirá com precisão e maior rapidez a estrutura genética de uma população ou da coleção de um germoplasma.

Considerações finais

A conservação dos recursos genéticos vegetais é um tema de grande importância para a preservação da biodiversidade dos biomas e para a agricultura. As coleções de germoplasmas

devem preservar ao máximo a variabilidade genética, viabilizando ações que possibilitem a recomposição de biomas ameaçados pela perda das espécies vegetais endêmicas. Os bancos de germoplasmas representam um potencial muito grande para a pesquisa e para o desenvolvimento de novos fármacos, além de outras substâncias de interesse biotecnológico, operando por meio da bioprospecção de novas biomoléculas provenientes do metabolismo secundário das plantas. No aspecto agronômico, podem ser a fonte de progenitores para o desenvolvimento de novas variedades melhor adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas de cada região do país. Em tempos de evidências incontestáveis dos efeitos das mudanças climáticas, a produtividade de espécies cultivadas e a resiliência das espécies nativas dependem da biodiversidade e da variabilidade genética preservadas nos bancos de germoplasmas.

Nesse sentido, entidades científicas e governamentais devem atuar em conjunto, fomentando estudos e políticas ambientais voltadas à conservação dos recursos genéticos, visando à sua preservação e ao uso sustentável.

REFERÊNCIAS

ARABIDOPSIS BIOLOGICAL RESOURCE CENTER. **Arabidopsis**. Columbus, OH: The Ohio State University. Disponível em: https://abrc.osu.edu/. Acesso em: 19 jun. 2020.

BARBEDO, Claudio J.; CENTENO, Danilo da C.; RIBEIRO, Rita de Cássia L. F. Do recalcitrant seeds really exist? **Hoehnea**, v. 40, n. 4, p. 583-593, dez. 2013.

BURLE, Marília L.; OLIVEIRA, Maria do Socorro P. de. **Manual de curadores de germoplasma – vegetal:** caracterização morfológica. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2010.

CANHOS, Dora A. L. *et al.* The Importance of Biodiversity E-infrastructures for Megadiverse Countries. **PLOS Biol**, v. 13, n. 7, p. 1-7, jul. 2015.

CONSULTATIVE GROUP ON INTERNATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH. **The Alliance Bioversity & CIAT webpage**. Rome, 2023. Disponível em: https://alliancebioversityciat.org. Acesso em: 18 jan. 2020.

CHANDRA, Prem; ENESPA. Soil – Microbes – Plants: Interactions and Ecological Diversity. *In*: VARMA, Ajit; TRIPATHI, Swati; PRASAD, Ram (ed.). **Plant Microbe Interface**. Springer, Cham, 2019, p. 145-176.

COSTA, Denise P.; PERALTA, Denilson F. Bryophytes diversity in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, n. 4, p. 1063-1071, out./dez. 2015.

CRISTINA, Vânia *et al.* Recursos genéticos vegetais. *In*: PAIVA, Samuel *et al.* (ed.). **Recursos genéticos:** o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2019, p. 241-267.

EHLERS, Bodil K.; PEDERSEN, Henrik Æ. Genetic variation in three species of Epipactis (*Orchidaceae*): geographic scale and evolutionary inferences. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 69, n. 3, p. 411-430, jan. 2008.

EICHTEN, S. R. *et al.* Consistent and Heritable Alterations of DNA Methylation Are Induced by Tissue Culture in Maize. **Genetics**, v. 198, n. 1, p. 209-218, 2014.

ENDEMISMO. *In*: A DICTIONARY of Ecology Oxford Reference. 4. ed. New York: Oxford University Press Inc., 2010.

EURASIAN ARABIDOPSIS STOCK CENTRE (uNASC). Disponível em: http://arabidopsis.info/. Acesso em: 19 jun. 2020.

EXPERIMENTAL PLANT DIVISION. **Arabidopsis thaliana**. Disponível em: https://epd.brc.riken.jp/en/arabidopsis. Acesso em: 19 jun. 2020.

FERREIRA, Márcio E.; GRATTAPAGLIA, Dario. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 1996.

FIORAVANTI, Carlos. Milhões de plantas on-line. **Revista Pesquisa Fapesp**. São Paulo: FAPESP, 2015. Disponível em: https://revistapesquisa.fapesp.br/milhoes-de-plantas-on-line/. Acesso em: 10 jul. 2020.

GOTOR, Elisabetta; TSIGAS, Marinos E. The impact of the EU sugar trade reform on poor households in developing countries: A general equilibrium analysis. **Journal of Policy Modeling**, v. 33, n. 4, p. 568-582, jul./ago. 2011.

GRAY, Louise. The 'banana pandemic' destroying the world's favourite fruit. **BBC**. Follow the food. Disponível em: http://www.bbc.com/future/bespoke/follow-the-food/the-pandemic-threatening-bananas.html. Acesso em: 7 jul. 2020.

INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERAÇÃO PARA A AGRICULTURA. **Com apoio do IICA, países da AL se reúnem para discutir estratégia regional de prevenção à nova raça de doença da banana**. Disponível em: https://www.iica.int/pt/prensa/noticias/com-apoio-do-iica-paises-da-al-se-reunem-para-discutir-estrategia-regional-de. Acesso em: 6 jul. 2020.

KAEPPLER, Shawn M.; RHEE, Young; KAEPPLER, Heidi F. Epigenetic aspects of somaclonal variation in plants. **Plant Molecular Biology**, v. 43, n. 2-3, p. 179-188, jun. 2000.

KAUFMAN, Rachel. 32,000-Year-Old Plant Brought Back to Life – Oldest Yet. **National Geographic**. Disponível em: https://www.nationalgeographic.com/news/2012/2/120221-oldest-seeds-regenerated-plants-science/. Acesso em: 15 jul. 2020.

KHAN, Anwar A. Hormonal regulation of primary and secondary seed dormancy. **Israel Journal of Botany**, v. 29, n. 1-4, p. 207-224, maio 1980.

KITIMU, Shedrack R. *et al*. Meristem micropropagation of cassava (*Manihot esculenta*) evokes genome-wide changes in DNA methylation. **Frontiers in plant science**, v. 6, n. 590, p. 3778, ago. 2015.

LOMBA, Ivânia Maria S. da; CASTRO, Marcelo T. de. Levantamento de doenças fúngicas em espécies agronômicas de um sistema agroflorestal do Distrito Federal. **Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal**, v. 29, n. 1, p. 32-42, fev. 2017.

PRADO, Jefferson *et al.* Diversity of ferns and lycophytes in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, n. 4, p. 1073-1083, out./dez. 2015.

RANGEL, Paula Hideo N. *et al.* **Banco Ativo de Germoplasma de Arroz e Feijão:** passado, presente e futuro. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013.

REFLORA. **Flora e funga do Brasil**. Disponível em: http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/ConsultaPublicaUC/ConsultaPublicaUC.do#CondicaoTaxonCP. Acesso em: 1 jul. 2020.

REFLORA. **Consulta Pública do Herbário Virtual**. Disponível em: http://reflora.jbrj.gov.br/reflora/herbarioVirtual/ConsultaPublicoHVUC/ConsultaPublicoHVUC.do. Acesso em: 14 jul. 2020.

RIDESA – Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético. **Melhoramento genético da cana-de-açúcar**. Disponível em: https://www.ridesa.com.br/melhoramento. Acesso em: 18 jun. 2020.

ROBERTS, Eric H. Predicting the storage life of seeds. **Seed Science & Technology**, v. 1, n. 3, jul. 1973.

STELPFLUG, Scott C. *et al*. Consistent and Heritable Alterations of DNA Methylation Are Induced by Tissue Culture in Maize. **Genetics**, v. 198, n. 1, p. 209-218, set. 2014.

SVALBARD GLOBAL SEED VAULT. **A site about seeds**. Disponível em: https://www.seedvault.no/. Acesso em: 2 jul. 2020.

TRICKER, Penny J. *et al.* Low relative humidity triggers RNA-directed de novo DNA methylation and suppression of genes controlling stomatal development. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, n. 10, p. 3799-3813, mar. 2012.

UPOV. **The International Union for the Protection of New Varieties of Plants**. Disponível em: https://www.upov.int/portal/index.html.en. Acesso em: 19 jun. 2020.

WEISING, Kurt *et al.* **DNA Fingerprinting in Plants:** Principles, Methods, and Applications. 2. ed. Boca Raton: CRC Press, 2005.

ZAPPI, Daniela C. *et al.* Growing knowledge: an overview of Seed Plant diversity in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, n. 4, p. 1085-1113, out./dez. 2015.

CAPÍTULO 7

Cultivo *in vitro* de plantas aplicado à conservação de recursos genéticos

Marlene Pires Moreira

Francis Julio Fagundes Lopes

Livia Cristina da Silva

Introdução

A cultura de tecidos vegetais consiste em uma série de protocolos que permite a multiplicação em grande escala de plantas na condição *in vitro* (ou seja, em laboratório), sendo uma das formas de conservação *ex situ* de germoplasmas de plantas (SARASAN et al., 2006). Os primeiros estudos sobre o cultivo *in vitro* datam de 1902, quando Gottlieb Haberland (2003) propôs a hipótese da totipotência celular, segundo a qual toda célula vegetal possui a integridade da informação genética necessária para formar tecidos, órgãos e até mesmo regenerar a planta completa. O material vegetal com capacidade proliferativa (explante), quando em condições de assepsia, temperatura, umidade e luminosidade controladas, originará uma plântula com raízes e brotos sob o estímulo adequado de reguladores de crescimento (substâncias análogas aos hormônios vegetais), que são adicionados a um meio de cultivo de composição definida. A capacidade organogênica do explante está relacionada à presença de populações de células sensíveis aos reguladores de crescimento.

A conservação de germoplasmas por cultivo *in vitro* é indicada, principalmente, para espécies nativas ou exóticas, cujas sementes são recalcitrantes ou intermediárias, com um longo período juvenil (que demoram a produzir sementes), que possuem alta heterozigosidade ou propagação vegetativa. A conservação *ex situ* por meio do cultivo *in vitro* reduz o risco da perda de clones por intempéries, desastres ambientais ou ataque de pragas e patógenos (MATSUMOTO; CARDOSO; SANTOS, 2010).

Fatores endógenos, como genótipo, condições fisiológicas da planta matriz e idade do órgão doador de explantes, bem como exógenos (época da coleta, composição do meio de cultivo e condições da sala de crescimento), influenciam o sucesso do cultivo *in vitro* (MURASHIGE, 1974). Diante das dificuldades relacionadas à manutenção de germoplasmas por cultivo *in vitro*, citam-se: demanda por recursos humanos qualificados; manutenção constante das boas condições na sala de crescimento, como luz, temperatura e assepsia adequadas; ocorrência de alterações epigenéticas no material após várias repicagens; hiperidricidade; e estabelecimento de protocolos adequados à espécie de interesse.

Não obstante, a conservação de germoplasmas por cultivo *in vitro* tem sido operacionalizada com espécies nativas e cultivadas em laboratórios de universidades, empresas e institutos de pesquisa. Isso decorre de seu grande potencial em termos de conservação de recursos genéticos para diversos estudos, incluindo os de micropropagação de espécies nativas ameaçadas de extinção em projetos de resgate de populações vegetais em ambientes degradados, micropropagação de espécies frutíferas e ornamentais, triagem e produção de metabólitos secundários promissores para a produção de fármacos, cosméticos e defensivos agrícolas, obtenção de mudas livres de patógenos (limpeza clonal), além de diversas pesquisas na área de melhoramento genético vegetal.

Etapas da cultura de tecidos vegetais

Os materiais vegetais com potencial morfogenético – isto é, capazes de iniciar uma cultura de tecidos – incluem

sementes, bulbos, miniestacas, embriões, pólen, óvulos, tecidos e células somáticas. Esses materiais podem servir de fonte para a obtenção de explantes, pequenos segmentos retirados de uma planta matriz para iniciar o protocolo de micropropagação.

A regeneração de órgãos e plantas inteiras *in vitro* se fundamenta em três pilares: totipotência celular, desdiferenciação e balanço hormonal. Totipotência é a capacidade que toda célula vegetal tem, sob estímulos apropriados, de regenerar tecidos, órgãos e a planta completa (TORRES; CALDAS; BUZZO, 1998). Já a desdiferenciação consiste em uma célula já diferenciada regressar ao estádio meristemático, redefinir novas rotas metabólicas e se diferenciar novamente, assumindo novas funções no contexto dos tecidos e órgãos regenerados. Por fim, o balanço hormonal corresponde, fundamentalmente, ao equilíbrio das concentrações de auxinas e citocininas no meio, o que é fundamental para o desenvolvimento vegetal (CID, 2014).

Em alguns casos, algumas células do explante podem retornar a um estado extremamente indiferenciado e altamente proliferativo, dando origem aos calos. Estes podem seguir duas rotas distintas, originando diretamente raízes e brotos – os chamados calos organogênicos –, ou dar origem a embriões, que, por sua vez, são embriogênicos. As etapas da micropropagação *in vitro* de plantas estão resumidas na Figura 1.

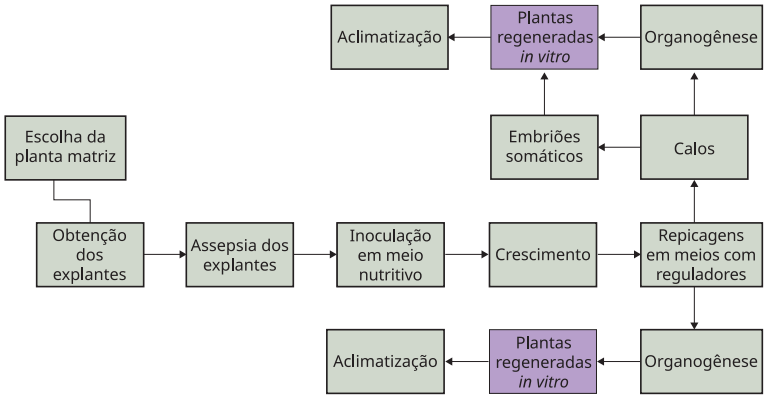


Figura 1: Etapas da micropropagação *in vitro*

Fonte: elaborada pelos autores.

Escolha da planta matriz

A escolha da planta matriz é uma etapa fundamental para o sucesso do cultivo *in vitro*, uma vez que as plantas produzidas são clones da planta doadora dos explantes. Portanto, a planta matriz deve apresentar boas condições morfológicas e fisiológicas. Tecidos meristemáticos e mais jovens, oriundos da planta doadora, apresentam maior capacidade de regeneração (TORRES; CALDAS; BUZZO, 1998).

Quando um explante é colocado em um meio de cultivo, ele pode regenerar plantas completas por meio de dois processos: organogênese ou embriogênese somática. Na embriogênese, células somáticas darão origem a um embrião sem a ocorrência da fusão de gametas. A organogênese surge como resposta a ferimentos no explante e pode ser classificada em direta ou indireta. Na organogênese direta, uma planta

completa é regenerada diretamente do explante. Gemas e brotações surgem a partir de tecidos – câmbio vascular, base do pecíolo em dicotiledôneas, base de folhas e escamas em bulbos de monocotiledôneas, segmentos de raízes, entre outros – que apresentam potencial morfogenético na planta *in vivo*, mas que, em geral, não se expressam. Na organogênese indireta, primeiramente são formados os calos, que podem originar brotos, utilizados para regenerar plantas (GRATTAPAGLIA; MACHADO, 1998). A partir do calo, também é possível obter linhas celulares cultivadas em meio líquido, dando origem ao cultivo de suspensões celulares. Essas suspensões podem ser utilizadas para produzir metabólitos secundários ou células desprovidas de parede celular, denominadas protoplastos.

Assepsia dos explantes

A contaminação dos explantes por microrganismos é um dos maiores entraves para a cultura de tecidos *in vitro* (Figura 2). A etapa da assepsia é realizada logo após a coleta do material da planta matriz, utilizando substâncias germicidas para impedir que os microrganismos (bactérias e fungos) se desenvolvam nos frascos de meio de cultura, inviabilizando o cultivo.

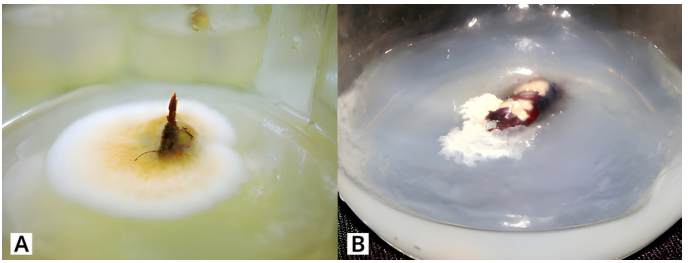


Figura 2: Contaminação em cultura de tecidos. Na porção "A", fungo em semente de cagaita (*Eugenia dysenterica*). Na "B", bactéria em semente de baru (*Dipteryx alata*)

Fonte: fotos tiradas por Livia Cristina da Silva no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais da Universidade Federal de Goiás (UFG) em 2012.

No primeiro passo da assepsia, o explante é lavado em água com detergente (comercial ou Tween 20). Esse procedimento remove sujeiras e rompe a tensão superficial do material, melhorando a interação com os germicidas. Dos compostos com ação germicida, os principais utilizados são etanol, hipoclorito de sódio ou de cálcio, cloreto de mercúrio, ácido clorídrico e isopropanol. O tempo de imersão, a concentração e o tipo de germicida variam com a espécie vegetal e o tipo de explante (JUNGHANS; SOUZA, 2009). Todo o processo de assepsia e repicagem é realizado em câmara de fluxo laminar, um ambiente livre de contaminantes do ar. Após o tratamento com germicidas, os explantes são lavados em água destilada, esterilizada para a remoção de resíduos químicos que possam interferir na regeneração *in vitro*.

Inoculação dos explantes em meio nutritivo

Os meios de cultivo de tecidos vegetais fornecem elementos para o desenvolvimento e regeneração de tecidos, e seus

componentes são classificados em essenciais e opcionais. Os componentes essenciais são água, sais minerais e fontes de carbono, enquanto os opcionais são inositol, agentes geleificantes, reguladores osmóticos, antioxidantes e elicitores (GRATTAPAGLIA; MACHADO, 1998; CID, 2014; SOUZA; RESCAROLLI; NUNEZ, 2018).

A água possibilita o transporte dos nutrientes para os tecidos vegetais e participa dos processos de divisão e crescimento celular, bem como de processos químicos e bioquímicos (RAVEN; EVERT; EICHHORN, 2007). A água utilizada deve ser destilada e esterilizada para maior controle das características do meio de cultivo (TORRES; CALDAS; BUZZO, 1998).

Os sais minerais (macro e micronutrientes) são requeridos nos mais diversos processos vitais do vegetal. Os macronutrientes são requeridos em maior abundância nas plantas, como o carbono, oxigênio, hidrogênio, nitrogênio, fósforo, potássio, cálcio, magnésio e enxofre. Os micronutrientes são requeridos em baixas concentrações (miligramas ou microgramas por litro de meio). São eles: boro, cloro, cobre, ferro, manganês, molibdênio, níquel e zinco (MALAVOLTA, 2006; WARAICH et al., 2011). Elementos minerais considerados não essenciais possuem efeito benéfico no desenvolvimento de certas espécies, como cobalto, selênio, níquel e silício (FAQUIN, 2005).

Os componentes orgânicos do meio incluem os carboidratos, vitaminas e reguladores de crescimento. Os carboidratos são usados na respiração para produção de energia e construção de intermediários metabólicos. Os mais usados no

cultivo *in vitro* são: sacarose, glicose e frutose, geralmente na concentração de 2 a 5% (p/p) (PAIVA; PAIVA, 2001b). As vitaminas são utilizadas em baixas concentrações e regulam o metabolismo celular. As vitaminas hidrossolúveis (grupo B), são geralmente utilizadas, sendo elas tiamina (B1), riboflavina (B2), piridoxina (B6), ácido pantotênico (B5), ácido nicotínico (B3), ácido fólico (B9), biotina (B7), cobalamina (B12) e o ácido ascórbico (vitamina C) (CID, 2014).

Os fitorreguladores são moléculas sintéticas que, em pequenas concentrações, promovem, inibem ou modificam processos fisiológicos na planta. Os equivalentes naturais são os hormônios vegetais, que induzem respostas fisiológicas de crescimento e diferenciação celular (RAVEN; EVERT; EICHHORN, 2007). A concentração adequada de cada classe de fitorreguladores, sozinha ou em combinação, pode suprir possíveis deficiências endógenas do explante. Os principais grupos de reguladores utilizados são as auxinas e as citocininas, e, em menor frequência, giberelinas, etileno, ácido abscísico (ABA), ácido jasmônico, poliaminas e brassinosteróides (CID, 2005, 2014).

As auxinas participam da regulação do crescimento geral da planta. Em baixas concentrações, promovem crescimento radicular e, em altas concentrações, inibem o crescimento das raízes. As citocininas regulam muitos processos na planta, entre eles: divisão celular, morfogênese, maturação de cloroplastos, crescimento celular e senescência, além de influenciarem na taxa de síntese proteica nas células (TAIZ et al., 2017). O efeito combinado de diferentes concentrações de auxinas e citocininas no meio de cultivo pode surtir

diferentes resultados na regeneração de órgãos, posto que altas concentrações de auxinas e baixas concentrações de citocininas induzem o enraizamento dos explantes, enquanto a relação inversa promove a formação de parte aérea (CID, 2005).

Os componentes opcionais podem ter importância específica no cultivo de algumas espécies. O inositol participa do metabolismo de compostos poli-hídricos nas plantas, germinação de algumas sementes, transporte de açúcares, metabolismo de parede celular, estresse fisiológico, entre outros (PAIVA; PAIVA, 2001a). Já os compostos geleificantes dão suporte físico aos explantes durante o cultivo, e o mais utilizado deles é o ágar, o qual pode ser substituído por gelrite ou phytagel (TORRES; CALDAS; BUZZO, 1998). Os reguladores osmóticos reduzem as taxas de crescimento das plantas, removendo o excesso de água intracelular, por gradiente osmótico, sendo muito utilizados para a conservação *in vitro* por longos períodos (FLORES et al., 2013). Os osmorreguladores mais utilizados são a sacarose, o manitol e o sorbitol. Os antioxidantes previnem ou minimizam a oxidação que ocorre nos tecidos após o corte realizado nos subcultivos, principalmente em espécies com maior teor endógeno de taninos ou hidroxifenóis. Os principais antioxidantes utilizados no meio de cultivo são: carvão ativado, cisteína, polivinilpirrolidona (PVP), ácido ascórbico e ácido cítrico (GUERRA et al., 2016). Elicitores podem desencadear uma série de reações bioquímicas que culmina na maior ou menor produção de metabólitos secundários em resposta ao estímulo recebido (VERPOORTE; MARASCHI, 2001). Elicitores bióticos adicionados ao meio de cultivo induzem a biossíntese de fitoalexinas. Quitosanas, micélios de fungos

fitopatogênicos e extratos de proteínas são alguns exemplos de elicitores bióticos (SOUZA, 2005). Elicitores abióticos não derivam de outros organismos e podem ser de natureza física ou química, como choque térmico, adição de metais pesados ao meio de cultivo, aumento da luz incidente, mudanças na qualidade espectral da luz, aumento ou diminuição do pH ideal do meio ou restrição de elementos no meio de cultivo (DONG; ZHONG, 2001; SALDANHA et al., 2013).

Por fim, outro fator importante é o pH dos meios de cultura, que deve ser levemente ácido (entre 5 e 6), porque é a faixa em que ocorre maior biodisponibilidade de nutrientes. Meios com pH abaixo de 5 tendem a apresentar hidrólise de polissacarídeos, ao passo que meios com pH acima de 6 tendem a apresentar precipitação de sais (GEORGE, 1996; TORRES; CALDAS; BUZZO, 1998).

Crescimento

O crescimento da planta no meio de cultivo pode ser classificado em heterotrófico, mixotrófico ou fotomixotrófico, sendo os dois últimos os mais comuns, uma vez que a planta utiliza tanto carbono inorgânico (CO_2) quanto orgânico (adicionado ao meio) para crescer. O crescimento do tipo fotomixotrófico tem sido apontado como mais benéfico em termos de arquitetura e fisiologia das mudas *in vitro*, pois resulta em maiores taxas de sobrevivência na fase de aclimatação (SILVEIRA; LOPES; SIBOV, 2020). Após a inoculação dos explantes no meio de cultivo, os frascos são vedados para garantir um ambiente estéril. O tipo de vedação pode ou não permitir trocas gasosas entre o material vegetal e o meio externo, dependendo da

finalidade do cultivo e da resposta da planta (SILVEIRA; LOPES; SIBOV, 2020). Os frascos são, então, mantidos sob condições controladas de luz e temperatura que variam de acordo com a espécie (GRATTAPAGLIA; MACHADO, 1998). Após o período de incubação e crescimento das mudas, é realizado o estabelecimento de subculturas. Para isso, as plantas retornam à câmara de fluxo laminar para serem repicadas (segmentadas) e cada segmento (novo explante) é inoculado em um novo meio de cultura com hormônios para induzir a brotação e o enraizamento (Figura 3).

É muito importante realizar a revitalização para acessos que permaneçam na condição *in vitro* por muito tempo e que já passaram por muitos subcultivos sucessivos. Isso é feito pela reintrodução do material em casa de vegetação ou campo, de maneira a permitir a reativação de seu metabolismo em todos os níveis. A partir do(s) material(is) revitalizado(s) que apresente(m) crescimento e desenvolvimento dentro dos padrões esperados, novos explantes são retirados para dar origem a uma nova cultura *in vitro*.

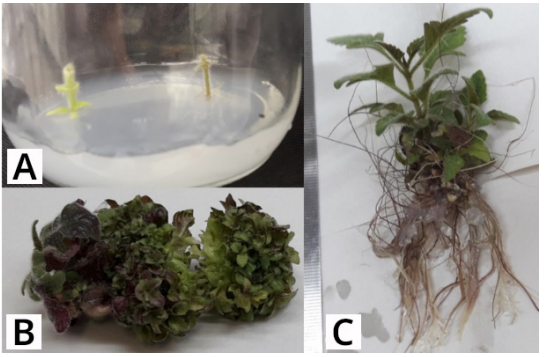


Figura 3: Multiplicação e enraizamento em *Lomatozona artemisiifolia*. Na porção "A", explantes inoculados em meio de cultura contendo ANA (Ácido Naftaleno Acético) e BAP (Benzilaminopurina); no "B", microbrotos formados nos explantes; e no "C", enraizamento da planta

Fonte: fotos tiradas por Marlene Pires Moreira no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais da UFG em 2017.

Aclimatização

É um termo utilizado em cultura de tecidos para definir a etapa da micropropagação, que envolve a transferência da planta cultivada *in vitro* para a casa de vegetação (HOFFMANN, 2002), na qual serão cultivadas em substratos específicos para cada espécie (Figura 4). Nessa etapa, o risco de perder muitas mudas é alto devido às mudanças nas condições de crescimento, pois a planta deixa um ambiente estéril, sendo introduzida em um ambiente em que está sujeita ao ataque de microrganismos, necessitando desenvolver seus próprios mecanismos de defesa. Também deixa seu estado heterotrófico ou mixotrófico e precisa ativar seu aparato fotossintético, tornando-se autotrófica. As condições de temperatura,

luminosidade e umidade variam muito em relação ao seu ambiente prévio (condição *in vitro*), aumentando as taxas de transpiração e deixando a planta vulnerável ao estresse hídrico e luminoso.

Figura 4: *Lomatozona artemisiifolia* aclimatada após micropropagação

Fonte: fotos tiradas por Marlene Pires Moreira nas casas de vegetação da Escola de Agronomia da UFG em 2017.

A aplicação exógena de ABA durante o cultivo *in vitro* pode melhorar a resposta adaptativa das plantas na fase de aclimatização, reduzindo as taxas transpiratórias, mesmo que as plantas recém-retiradas da condição *in vitro* apresentem estômatos não funcionais (RAI et al., 2011).

O tipo de substrato utilizado também contribui para o sucesso nessa etapa. Cada espécie possui diferentes demandas nutricionais e hídricas, sendo necessário estabelecer o melhor substrato para obter o maior número de plantas aclimatadas.

Fatores que interferem no cultivo *in vitro*

O sucesso do cultivo *in vitro* depende de condições externas controladas, bem como do estado fisiológico e fitosanitário do explante utilizado. A seguir, discutiremos em mais detalhes os principais fatores que devem ser considerados para o estabelecimento de um protocolo de cultivo *in vitro* de plantas.

Luz e temperatura

A luz é fundamental para a fotossíntese e para a fotomorfogênese das plantas (GENOUD et al., 1999). Tanto a qualidade espectral quanto o fotoperíodo influenciam o crescimento e desenvolvimento, interferindo na quantidade e proporção de clorofilas a, b e carotenóides, número de brotações e comprimento de caule (TAIZ et al., 2017). As plantas apresentam exigências diferenciadas em relação ao fotoperíodo, mas a maioria das espécies se desenvolve bem com 16 horas de incidência luminosa e mil *lux* de intensidade luminosa na condição *in vitro* (PAIVA; PAIVA, 2001a).

Na cultura de tecidos, geralmente se utiliza uma temperatura constante, por volta de 25ºC ± 1ºC. Na natureza, as plantas não crescem a uma temperatura constante e isso influencia a morfogênese vegetal. Portanto, adaptações na temperatura podem ser requeridas dependendo das espécies estudadas.

Hiperidricidade (vitrificação)

A hiperidricidade ou vitrificação ocorre quando a planta apresenta um acúmulo anormal de água no interior das suas

células e tecidos, exibindo um aspecto translúcido e quebradiço (KEVERS et al., 2004). Essa condição do explante tem relação com altas temperaturas, baixa intensidade luminosa e alta umidade relativa no interior do frasco de cultivo. Esse fenômeno é reversível, com a transferência para um novo meio de cultura e uma maior atenção a todos os componentes e condições de cultivo (SANTOS et al., 2001). A transferência da planta para um sistema de cultivo fotomixotrófico pode favorecer a redução da umidade excessiva dentro dos frascos de cultivo, bem como a possibilidade de melhoria geral da arquitetura da plântula (SILVEIRA; LOPES; SIBOV, 2020).

Variação somaclonal

Uma planta mantida em condição *ex situ*, particularmente na condição *in vitro*, pode, eventualmente, apresentar variações somaclonais, ainda que todas sejam clones de uma mesma planta matriz. Essas alterações podem ser de natureza genética ou epigenética e são mais comuns após sucessivas repicagens e passagens por meios de cultura contendo os reguladores de crescimento.

As variações somaclonais de natureza genética ocorrem diretamente no DNA, em decorrência da quebra de cromátides, migrações desequilibradas de cromossomos na mitose, inversões, deleções, translocações, enfim, alguma mutação no DNA de causa desconhecida transmitida às próximas gerações (BAIRU; AREMU; VAN STADEN, 2011).

As variações somaclonais de natureza epigenética levam a variações fenotípicas sem alterações nas sequências dos

nucleotídeos. Nas alterações epigenéticas, as mudanças fenotípicas resultam de alterações espontâneas ou induzidas nos padrões de expressão de genes devido a mudanças no padrão de metilações do DNA (CID, 2014) ou nas metilações/acetilações das histonas (STELPFLUG et al., 2014; TRICKER et al., 2012; KAEPPLER; RHEE; KAEPPLER, 2000; KITIMU et al., 2015). Também é possível que uma alteração epigenética desencadeie uma alteração genética na sequência de DNA, resultando em variantes somaclonais. Um exemplo disso é a reativação de elementos transponíveis por meio da perda de metilação do DNA na região genômica em que eles estejam inseridos. Os saltos dos elementos transponíveis podem ser tanto para dentro quanto para fora de sequências de DNA codificante ou regulatório. Eventualmente, esse evento pode alterar a sequência de nucleotídeos do sítio e/ou do sítio receptor do elemento transponível, dependendo do tipo de elemento em questão (SMULDERS; DE KLERK, 2011; ZAKRZEWSKI et al., 2017). Situações que gerem estresse à planta no cultivo *in vitro* podem desencadear o surgimento de variantes somaclonais. Vários subcultivos de tecidos meristemáticos, expostos a altas temperaturas por um longo período de tempo, por exemplo, aumentam as chances das variantes surgirem (PRADO et al., 2010).

Essas variações durante o cultivo *in vitro* são indesejáveis à obtenção de clones com características superiores, selecionadas anteriormente ao cultivo. No entanto, elas podem, principalmente as herdáveis, manifestar-se em plantas raras e induzir o surgimento de alguma característica de interesse (RIBEIRO, 2012).

Cultivo *in vitro* aplicado à conservação de recursos genéticos vegetais

A conservação dos recursos genéticos por meio de uma coleção de germoplasmas de cultivo *in vitro* requer técnicas que minimizem os riscos advindos do longo período de armazenamento, o que pode acabar inativando alguns processos metabólicos de natureza vital na planta. Nesse sentido, o uso de meios de crescimento mínimo ou a criopreservação visam diminuir ao máximo o metabolismo da coleção de germoplasmas (CID, 2014).

Crescimento lento ou mínimo é o método utilizado na conservação de plantas *in vitro*, que consiste em reduzir o metabolismo das plantas para prolongar ao máximo o intervalo entre os subcultivos – se possível, até indefinidamente – sem interferir na viabilidade das plantas regeneradas (CID, 2014). Esse objetivo é alcançado mediante alteração das condições físicas e químicas da micropropagação. As alterações químicas se referem aos constituintes dos meios de cultivo. Nesse caso, são adicionados osmorreguladores nos meios de cultura, geralmente manitol, sorbitol ou sacarose, reguladores de crescimento, ou diminuídos e até suprimidos alguns constituintes orgânicos e inorgânicos. A aplicação de ABA tem sido relatada como alternativa para a redução do metabolismo no crescimento mínimo, promovendo uma melhoria na conservação *in vitro* (RAI et al., 2011). As alterações físicas consistem na redução da temperatura de cultivo, alteração do tipo de vedação dos frascos de cultivo e da intensidade e duração do fotoperíodo (ROCA; ARIAS; CHAVÉZ, 1991).

Alguns exemplos de espécies que já foram conservadas no sistema de crescimento mínimo incluem palmeiras em geral, tamareira (*Phoenix dactilyfera*), coco (*Cocos nucifera*), oliveira (*Olea europaea*), bananeira (*Musa* sp.), cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*), abacaxi (*Ananas comosus*), maracujazeiro (*Passiflora giberti*) e açaí (*Euterpe oleracea*) (CANTO et al., 2004; LEMOS et al., 2002; OLIVEIRA; MAUÉS; KALUME, 2001; FARIA et al., 2006; INIBAP, 2006; LAMBARDI et al., 2002; LEDO et al., 2007). Apesar de haver tantas espécies com resultados promissores nesse sistema, não se pode utilizar um protocolo padrão para todas as plantas, pois cada espécie apresenta uma resposta diferente de acordo com suas peculiaridades.

A criopreservação consiste em conservar o material biológico sob condições de temperaturas ultrabaixas, em nitrogênio líquido (-196ºC) ou em sua fase de vapor (-150ºC). As baixas temperaturas reduzem o metabolismo celular e praticamente paralisam a deterioração biológica e as alterações genéticas, contribuindo para a estabilidade do material preservado (KARTHA, 1985). Um protocolo de criopreservação apresenta as etapas de pré-crescimento, crioproteção, armazenamento (Figura 5), descongelamento e regeneração. O principal desafio de congelar e descongelar é evitar que a água forme cristais de gelo, pois eles provocam a ruptura do sistema de membranas celulares, levando à perda da permeabilidade seletiva de membranas e da compartimentação celular, causando colapso e morte celular (KARLSSON, 2001). Para evitar isso, são utilizadas substâncias crioprotetoras.

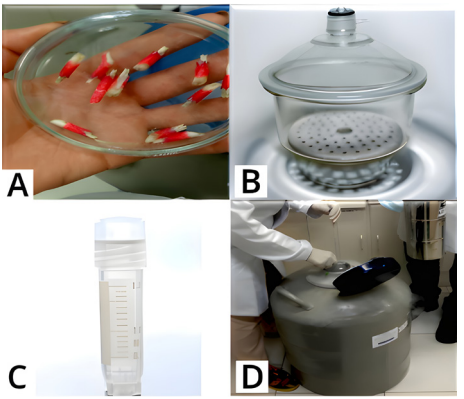


Figura 5: Criopreservação de grãos de pólen. No quadrante "A", escolha do material; no "B", dessecação por 3 a 6 horas; no "C", armazenamento do material em criotubo; e no "D", imersão em nitrogênio líquido para congelamento rápido

Fonte: fotos tiradas por Livia Cristina da Silva no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais da UFG em 2018.

Se comparada aos métodos convencionais de armazenamento, a criopreservação apresenta vantagens, como a demanda de pequeno volume de material, redução do espaço e custos associados à manutenção de coleções *in vivo* e simplificação dos procedimentos de transporte. Também reduz a quantidade de subcultivos e as possibilidades de variações somaclonais (PRUDENTE et al., 2019). Espécies com sementes recalcitrantes, intermediárias ou aquelas que se propagam vegetativamente têm a criopreservação como possibilidade de conservação.

Uma alternativa à criopreservação é o desenvolvimento de sementes sintéticas, processo em que explantes sensíveis ao

processo convencional de criopreservação, como meristemas e embriões somáticos, são encapsulados em um material apropriado, como o alginato de prata (Figura 6). O uso do ABA durante o cultivo *in vitro* dos explantes pode ser indicado em algumas espécies para a indução da embriogênese somática e da entrada dos embriões em um estado quiescente, melhorando, inclusive, o *status* de tolerância à dessecação do embrião. É, portanto, uma possibilidade a ser considerada no desenvolvimento de protocolos para produção de sementes sintéticas de algumas espécies (RAI et al., 2011).

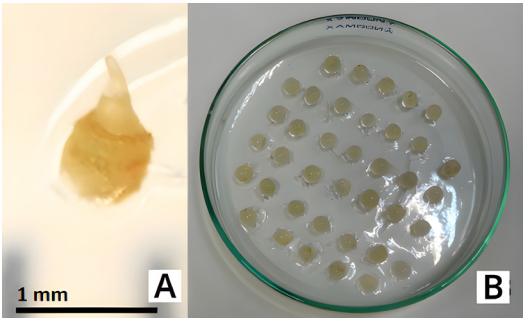


Figura 6: Semente sintética. Na porção "A", meristema de abacaxi. Na "B", encapsulamento do meristema

Fonte: Fotos tiradas por Livia C. da Silva. Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais da UFG (2018).

Considerações finais

A cultura de tecidos vegetais é uma importante ferramenta biotecnológica para a conservação de recursos genéticos vegetais, uma vez que permite a micropropagação de espécies cujo período juvenil seja muito prolongado para a obtenção de sementes.

A aplicação da cultura de tecidos vegetais requer estudos particulares para cada espécie nova com a qual se deseja estabelecer um protocolo de micropropagação, além de estrutura laboratorial adequada e recurso humano qualificado, uma vez que o domínio dos protocolos relacionados à regeneração de plantas *in vitro* requer certo nível de conhecimento acerca da fisiologia de plantas e de técnicas de assepsia microbiológicas. Ainda assim, ela possibilita desdobramentos tecnológicos que vão além da conservação *in vitro*, como a limpeza de clones infectados por agentes virais, fúngicos e bacterianos, o estudo da produção de metabólitos secundários de plantas para a triagem de novas biomoléculas com interesse cosmético e medicinal e melhoramento genético convencional ou por meio da transformação genética de plantas. Outra finalidade da cultura de tecidos é a coleção de germoplasmas vegetais mantidos sob condições de crescimento mínimo, sendo uma estratégia importante para a conservação de espécies ameaçadas de extinção devido à perda ou fragmentação de hábitat, ou, ainda, devido às mudanças climáticas.

REFERÊNCIAS

BAIRU, Michael W.; AREMU, Adeyemi O.; VAN STADEN, Johannes. Somaclonal variation in plants: Causes and detection methods. **Plant Growth Regulation**, v. 63, p. 147-173, dez. 2010.

CANTO, Ana Maria M. E. *et al.* Conservação *in vitro* de germoplasma de abacaxi tratado com paclobutrazol. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 7, p. 717-720, jul. 2004.

CID, L. Pedro Barrueto. **Hormônios vegetais em plantas superiores**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005.

CID, L. Pedro Barrueto. **Cultivo in vitro de plantas**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa 2014.

LEMOS, Eurico E. P. de *et al.* Conservação *in vitro* de germoplasma de cana-de-açúcar. **Pesqu Agropec Bras**, v. 37, n. 10, p. 717-720, out. 2002.

DONG, Hao-Di.; ZHONG, Jian-Jiang. Significant improvement of taxane production in suspension cultures of *Taxus chinensis* by combining elicitation with sucrose feed. **Biochem Eng J**, v. 8, n. 2, p. 145-150, set. 2001.

FAQUIN, Valdemar. **Nutrição Mineral de Plantas**. 1. ed. Lavras: UFLA/FAEPE, 2005.

FARIA, Gláucia A. *et al.* Efeito da sacarose e sorbitol na conservação *in vitro* de *Passiflora giberti* N. E. Brown. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 28, n. 2, p. 267-270, ago. 2006.

FLORES, Rejane *et al.* Sacarose e sorbitol na conservação *in vitro* de *Pfaffia tuberosa* (Spreng.) Hicken (Amaranthaceae). **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v. 4, n. 3, p. 192-199, ago. 2013.

GENOUD, C. *et al.* Effects of micropropagation conditions of rose shootlets on chlorophyll fluorescence. **Photosynthetica**, v. 36, p. 243-251, jun. 1999.

GEORGE, Edwin F. **Plant propagation by tissue culture:** In Practice. 2. ed. Edington: Exegetics Limited, 1996.

GRATTAPAGLIA, Dario; MACHADO, Marcos Antônio. Micropropagação. Cultura de tecidos e transformação genética de plantas. *In:* TORRES, Antônio Carlos; CALDAS, Linda Styer; BUSO, José Amauri Buso (org.). **Cultura de tecidos e transformação genética de plantas**. 1. ed. Brasilia: Embrapa, 1998, p. 183-260.

GUERRA, Miguel Pedro *et al.* **Biotecnologia I.** Santa Catarina: LFDGV/UFSC, 2016. (Apostila).

HABERLANDT, Gottlieb. Culturversuche mit isolierten Pflanzenzellen. *In:* LAIMER, M.; RÜCKER, Waltraud (org.). **Plant Tissue Culture**. Viena: Springer, 2003, p. 69-92.

HOFFMANN, Alexandre. Aclimatação de mudas produzidas *in vitro* e *in vivo*. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 23, n. 216, p. 21-24, 2002. Disponível em: https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/200022/1/7190-2002-p.21-24.pdf. Acesso em: 25 ago. 2022.

INIBAP. **Global Conservation Strategy for *Musa* (Banana and Plantain)**. Montpellier, FR: ProMusa, 2006.

JUNGHANS, Tatiana G.; SOUZA, Antônio S. **Aspectos práticos da micropropagação de plantas**. 1. ed. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2009.

KAEPPLER, Shawn M.; RHEE, Yong; KAEPPLER, Heidi F. Epigenetic aspects of somaclonal variation in plants. **Plant molecular biology**, v. 4, n. 2-3, p. 179-188, jun. 2000.

KARLSSON, Jens O. M. A theoretical model of intracellular devitrification. **Cryobiology**, v. 42, n. 3, p. 154-169, maio 2001.

KARTHA, Krishnan K. Meristem culture and germplasm preservation. *In*: KARTHA, Krishinan K. (org.). **Cryopresevation of plant cells and organs**. Boca Raton: CRS Press, 1985, p. 115-134.

KEVERS, Claire *et al.* Hyperhydricity of micropropagated shoots: A typically stress-induced change of physiological state. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 77, p. 181-191, maio 2004.

KITIMU, Shedrack R. *et al.* Meristem micropropagation of cassava (*Manihot esculenta*) evokes genome-wide changes in DNA methylation. **Frontiers in plant science**, v. 6, n. 36, p. 3778, ago. 2015.

LAMBARDI, Maurizio *et al.* Medium and long-term *in vitro* conservation of olive germplasm (*Olea europaea* L.). **Acta Horticulturae**, v. 586, p. 109-112, out. 2002.

LÉDO, Ana S. *et al.* Efeito da sacarose e do manitol na conservação *in vitro* por crescimento lento de coqueiro anão. **Magistra**, Cruz das Almas, BA, v. 19, n. 4, p. 346-351, out./dez. 2007.

MALAVOLTA, Eurípedes. **Manual de nutrição mineral de plantas**. 1. ed. Ouro Fino, MG: Agronomica Ceres, 2006.

MATSUMOTO, Kazumitsu; CARDOSO, Luciene D.; SANTOS, Izulmé Rita I. **Manual de curadores de germoplasma vegetal:** conservação *in vitro*. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. Disponível em: https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/149791/1/doc318.pdf. Acesso em: 25 ago. 2022.

MURASHIGE, Toshio. Plant Propagation Through Tissue Cultures. **Annual Review of Plant Physiology**, v. 25, p. 135-166, jun. 1974.

OLIVEIRA, Maria do S. P. de; MAUÉS, Márcia M.; KALUME, Maura A. de A. Viabilidade de pólen *in vivo* e *in vitro* em genótipos de açaizeiro. **Acta Botanica Brasilica**, v. 15, n. 1, p. 27-33, 2001.

PAIVA, Renato; PAIVA, Patrícia Duarte de O. Cultura de Tecidos Vegetais. *In*: PAIVA, Renato; PAIVA, Patrícia Duarte de O. **Cultura de Tecidos**. Lavras, MG: FAEPE/UFLA, 2001a, p. 7-8.

PAIVA, Renato; PAIVA, Patricia Duarte de O. **Cultura de Tecidos Vegetais**. Lavras, MG: FAEPE/UFLA, 2001b.

PRADO, Maria J. *et al.* Detection of somaclonal variants in somatic embryogenesis-regenerated plants of *Vitis vinifera* by flow cytometry and microsatellite markers. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 103, p. 49-59, maio 2010.

PRUDENTE, Débora de O. *et al.* The cryoprotectant PVS2 plays a crucial role in germinating *Passiflora ligularis* embryos after cryopreservation by influencing the mobilization of lipids and the antioxidant metabolism. **J Plant Physiol**, v. 239, p. 71-82, jun. 2019.

RAI, Manoj K. *et al.* The role of abscisic acid in plant tissue culture: A review of recent progress. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 106, p. 179-190, jan. 2011.

RAVEN, Peter H.; EVERT, Ray F.; EICHHORN, Susan E. **Biologia Vegetal**. 7. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2007.

RIBEIRO, Ana P. **Micropropagação, avaliação da variação somaclonal e detecção de vírus em videira**. 2012. Dissertação (Mestrado em Agronomia) − Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, 2012.

ROCA, William M.; ARIAS, Doama I.; CHÁVEZ, R. Métodos de conservación *in vitro* del germoplasma. *In*: ROCA, William M.; MROGINSKI, Luis A. (org.). **Cultivo de tejidos en la agricultura:** fundamentos y aplicaciones. Cali, Colômbia: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1991, p. 697-712.

SALDANHA, Cleber W. *et al.* A CO2-enriched atmosphere improves *in vitro* growth of Brazilian ginseng [*Pfaffia glomerata* (Spreng.) Pedersen]. **In Vitro Cellular and Developmental Biology – Plant**, v. 49, n. 4, p. 433-444, maio 2013.

SANTOS, Breno Régis *et al.* Problemas no cultivo *in vitro*. Cultura de tecidos. *In*: PAIVA, Renato; PAIVA, Patrícia Duarte de O. **Cultura de Tecidos**. Lavras: MG: FAEPE/UFLA, 2001, p. 73-79.

SARASAN, Viswambharan *et al.* Conservation *in vitro* of threatened plants - Progress in the past decade. **In Vitro Cell Dev Biol Plant**, v. 42, n. 3, p. 206-214, maio 2006.

SILVEIRA, Andreia A. da C.; LOPES, Francis J. F.; SIBOV, Sérgio T. Micropropagation of *Bambusa oldhamii* Munro in heterotrophic, mixotrophic and photomixotrophic systems. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 141, n. 2, p. 315-326, fev. 2020.

SMULDERS, Marinus J. M.; DE KLERK, Geert-Jan. Epigenetics in plant tissue culture. **Plant Growth Regul**, v. 63, n. 2, p. 137-146, mar. 2011.

SOUZA, Julio C. DE.; RESCAROLLI, Cristiane L. de S.; NUNEZ, Cecília V. Produção de metabólitos secundários por meio da cultura de tecidos vegetais. **Revista Fitos**, v. 12, n. 3, p. 269-280, out. 2018.

SOUZA, Wagner R. de. **Estudo do efeito elicitor do ácido salicílico e do polissacarídeo extraído de sementes de paineira (*Chorisia speciosa*) em cultura de células de amora preta (*Rubus fruticosus*)**. 2005. Dissertação (Mestrado em Ciências Farmacêuticas) – Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2005.

STELPFLUG, Scott *et al.* Consistent and Heritable Alterations of DNA Methylation Are Induced by Tissue Culture in Maize. **Genetics**, v. 198, n. 1, p. 209-218, set. 2014.

TAIZ, Lincoln *et al.* **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. Tradução de Alexandra A. Mastroberti 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

TORRES, Antônio C.; CALDAS, Linda S.; BUZZO, José. A. **Cultura de Tecidos e Transformação Genética de Plantas**. Brasília: Embrapa, 1998.

TRICKER, Penny J. *et al.* Low relative humidity triggers RNA-directed de novo DNA methylation and suppression of genes controlling stomatal development. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, n. 10, p. 3799-3813, mar. 2012.

VERPOORTE, Robert; MARASCHI, Marcelo. Engenharia do metabolismo de plantas medicinais. *In*: YUNES, Rosendo A.; CALIXTO, João B. (org.). **Plantas medicinais sob a ótica da química medicinal moderna:** métodos de estudo, fitoterápicos e fitofármacos, biotecnologia, patente. Chapecó, SC: Argos; UNOESC, 2001, p. 381-432.

WARAICH, Ejaz A. *et al.* Improving agricultural water use efficiency by nutrient management in crop plants. **Acta Agriculturae Scandinavica Section B: Soil and Plant Science**, v. 61, n. 4, p. 291-304, mar. 2011.

ZAKRZEWSKI, Falk *et al.* DNA methylation of retrotransposons, DNA transposons and genes in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). **The Plant Journal**, v. 90, n. 6, p. 1156-1175, jun. 2017.

CAPÍTULO 8

Entre impactos e iniciativas para conservação, como estão as abelhas brasileiras?

Cristiane Marques Santos

Patrícia Marques Santos

Ríudo de Paiva Ferreira

Aspectos relevantes para a conservação das abelhas brasileiras

A conservação dos recursos biológicos constitui uma tarefa complexa e que, na atualidade, tem se valido das mais variadas ferramentas para alcançar seu objetivo. A abordagem acadêmica, caracterizada por ensino, pesquisa e extensão, segue sendo a principal base a partir da qual as estratégias conservacionistas são elaboradas. No entanto, outras alternativas surgem, uma vez que a discussão sobre conservação extrapola os muros da academia e passa a figurar em espaços de conhecimento não formal. Nesse cenário, destacam-se os projetos de caráter socioambiental, que visam integrar a abordagem conservacionista dos ecossistemas ao bem-estar social e econômico do homem, os projetos de integração da apifauna aos ambientes urbanos e o uso das ferramentas digitais (bancos de dados, *sites*, mídias sociais, *blogs* e aplicativos) como meios de divulgação de informações.

No contexto da conservação das abelhas nativas do Brasil, é possível observar que as ferramentas e formas de abordagem são bastante diversificadas e contemplam tanto a tradicional abordagem científica quanto as alternativas. Os dados produzidos servem de base para estimativas sobre biodiversidade e risco de extinção, que, por sua vez, podem viabilizar a determinação de áreas prioritárias para conservação, além do desenvolvimento de estratégias de manejo. A seguir, será traçado um panorama geral sobre a situação da pesquisa sobre as abelhas no Brasil e quais mecanismos vêm sendo mais utilizados para propor estimativas sobre biodiversidade e alternativas para sua manutenção.

Pesquisa e produtividade acadêmica nas diferentes regiões do Brasil

A pesquisa científica assume posição de destaque no contexto da conservação das abelhas. Dessa forma, produz dados que vão desde os aspectos mais básicos da biologia das espécies – como morfologia, anatomia e caracterização taxonômica – até a pesquisa de temas aplicados – o efeito da fragmentação e das mudanças climáticas sobre a distribuição das abelhas (FERREIRA et al. 2020; GIANNINI et al., 2020). Em termos de recursos humanos, o Brasil apresenta uma base de pesquisadores amplamente distribuída, mas com diferenças marcantes na representatividade por região.

A pesquisa sobre abelhas[1] no país envolve a atividade de 116 profissionais, distribuídos em 113 grupos, responsáveis pelo desenvolvimento de 208 linhas de pesquisa, conforme consta na base de dados do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). A análise quantitativa e qualitativa (por categorização)[2] desses dados por região evidenciou certa tendência na distribuição das linhas de pesquisa. Em termos quantitativos, o Nordeste está no topo do *ranking*, seguido pela região Sudeste. As regiões Norte e Sul apresentam com representatividades equivalentes, e, em último lugar, consta a região Centro-Oeste (Figura 1).

1 Para o levantamento de dados, utilizou-se a palavra-chave "abelhas", sem especificação. Foram excluídos da contagem todos os resultados que se referiam a pesquisas desenvolvidas exclusivamente com abelhas do gênero *Apis*.

2 Análise feita com base na identificação dos termos-chave usados na descrição do título de cada linha de pesquisa registrada e na sua posterior classificação em um dos seguintes temas gerais: alimentação; biodiversidade e conservação; biologia geral; criação e manejo; polinização; subprodutos; taxonomia e sistemática.

Regiões \ Linhas de pesquisa	Alimentação	Biodiversidade e conservação	Biologia geral	Criação e manejo	Polinização	Subprodutos	Taxonomia e sistemática	TOTAL
Norte	1	7	6	4	5	6	1	30
Nordeste	3	7	13	29	15	12	0	79
Centro-Oeste	0	1	1	0	1	2	0	5
Sudeste	2	9	18	5	7	11	2	54
Sul	2	11	9	5	8	4	1	40
TOTAL	8	35	47	43	36	35	4	208

Figura 1: Mapa com a estimativa de distribuição das principais linhas de pesquisas registradas por estados e regiões do Brasil

Fonte: elaborada pelos autores.

De modo geral, os temas mais frequentemente abordados estão relacionados à biologia geral; criação e manejo; polinização; subprodutos e biodiversidade e conservação. Já os registros de linhas de pesquisa voltadas para o estudo sobre alimentação das abelhas, taxonomia e sistemática foram menos frequentes. Quando se analisa a distribuição dos temas gerais por região, observa-se o predomínio do tema criação e manejo na região Nordeste. No Sudeste, predominam temas voltados à biologia geral dos organismos. Para as outras regiões, não foram observadas tendências únicas, e dois ou mais temas figuraram entre os mais abordados, com quantidade equivalente de registros (Figura 1).

A distribuição desigual da atividade acadêmico-científica é uma característica marcante do Brasil, e se estende às mais diversas áreas do conhecimento (MOTA E ALBUQUERQUE et al., 2002). A pesquisa com abelhas não foge a esse cenário e é marcada pela regionalização na cobertura dos temas estudados e, consequentemente, na produção científica. Parte significativa do esforço amostral para obtenção de dados está concentrado em estudos de escalas regional e local (MAUÉS et al., 2012). Apesar de o Nordeste dispor de um número maior de grupos e linhas de pesquisa em andamento, isso não implica uma maior cobertura na pesquisa para essa região. Como esperado, biomas típicos da região Sudeste continuam sendo os mais amostrados, seguidos por áreas de Cerrado e florestas tropicais (PINHEIRO-MACHADO et al., 2002).

As tendências descritas anteriormente podem ser explicadas com base nas características socioeconômicas de cada região. Regiões mais desenvolvidas tendem a ser pioneiras

na formação de recursos humanos capacitados para realizar pesquisa de base (MOTA E ALBUQUERQUE et al., 2002). Assim, a transferência desses pesquisadores para regiões em desenvolvimento possibilita a realização de estudos aplicados a temas de importância regional, a exemplo do tema "criação e manejo de abelhas", que aparece como tendência nas linhas de pesquisa desenvolvidas na região Nordeste.

Os dados apresentados reforçam a importância do investimento em ciência básica, de modo que todas as regiões do país possam se tornar minimamente capazes de suprir suas próprias demandas, principalmente em termos de levantamento, descrição e registro de sua biodiversidade. Além disso, retomam a necessidade de definição clara das áreas prioritárias para pesquisas, tendo em vista a extensão e a diversidade de fisionomias dos biomas brasileiros (FREITAS et al., 2009; KLEINERT; ETEROVIC; SANTOS FILHO, 2012; PINHEIRO-MACHADO et al., 2002).

Estimativas sobre biodiversidade: conhecer para preservar

Conhecer a biodiversidade é importante para preservá-la e possibilitar o uso sustentável de seus recursos naturais. Apesar de as abelhas fazerem parte do grupo dos organismos mais bem estudados no Brasil, o que sabemos até agora sobre a biologia das abelhas nativas brasileiras está muito aquém de nos colocar em uma posição confortável para determinar a vulnerabilidade das espécies a qualquer tipo de atividade humana (PINHEIRO-MACHADO et al., 2002).

Associada a essa constatação, temos a redução do número de taxonomistas, que se deve, em parte, às dificuldades associadas ao desenvolvimento de levantamentos de fauna e à compilação e sistematização das informações obtidas (PINHEIRO-MACHADO et al., 2002). Outro ponto a se destacar diz respeito ao impedimento taxonômico, que, no Brasil, representa um fator limitante à expansão do nosso conhecimento sobre a biodiversidade (MARQUES; LAMAS, 2006). Como resultado, temos uma produção significativamente fragmentada de dados, fato que dificulta o entendimento de processos ecológicos e os padrões de distribuição das espécies em escalas maiores no tempo e no espaço (MEINERS; GRISWOLD; CARRIL, 2019).

O Brasil é conhecido por sua extensão continental e megadiversidade, a qual abrange mais de 103.870 espécies animais e 43.020 espécies vegetais conhecidas (BRASIL, 2020). A fauna de abelhas está estimada em 1.678 espécies, distribuídas ao longo de seis diferentes biomas (MOURE; URBAN; MELO, 2007). As regiões Norte e Centro-Oeste compreendem mais da metade da área do país e incluem biomas relevantes, como a Amazônia e o Pantanal mato-grossense e, de maneira adversa, correspondem às áreas menos estudadas em termos de levantamentos de biodiversidade (KLEINERT; ETEROVIC; SANTOS FILHO, 2012). Os dados disponíveis sobre a Amazônia são, no geral, restritos a áreas e/ou taxas específicas (BRITO et al., 2019; GIANNINI et al., 2020; OLIVEIRA et al., 2013; REBÊLO; RÊGO; ALBUQUERQUE, 2011). Para a região Centro-Oeste ocorre o mesmo, tanto no Pantanal (BOFF; ARAUJO; POTT, 2013) quanto para áreas de Cerrado (AOKI; SIGRIST, 2006). O bioma característico do Nordeste, a Caatinga, já conta com alguns

estudos locais e regionais e com pelo menos uma lista ampla de espécies (ZANELLA, 2000). Sul e Sudeste já dispõem de um número significativo de estudos sistemáticos, como mostra a revisão feita por Kleinert, Eterovic e Santos Filho (2012).

Tendo em vista o cenário anteriormente descrito, torna-se prioritário amenizar esse estado de subamostragem, tão característico do Brasil, principalmente para as regiões Centro-Oeste e Norte e para outras áreas pouco estudadas das demais regiões. Para tanto, é necessário e urgente investir na formação de taxonomistas e no desenvolvimento de ferramentas auxiliares para identificação de espécies (OLIVEIRA et al., 2012), em que os métodos e a duração dos estudos sejam padronizados, de modo a facilitar o trabalho de compilação e posterior análise dos dados obtidos (KLEINERT; ETEROVIC; SANTOS FILHO, 2012; PINHEIRO-MACHADO et al., 2002). Adicionalmente, as informações devem ser disponibilizadas, de preferência, em bancos de dados de amplo acesso.

Ferramentas auxiliares na conservação das abelhas

A proteção das espécies de abelhas brasileiras enfrenta uma série de desafios, sendo um dos principais o estabelecimento de uma infraestrutura compartilhada de dados, de acesso livre e aberto, em formato utilizável para os diferentes atores sociais, provedores e usuários de informação, incluindo – mas não restrito a – taxonomistas, ecólogos, conservacionistas, educadores, apicultores, agricultores, legisladores, formuladores de políticas e tomadores de decisão (Kleinert; Eterovic; Santos Filho, 2012).

Com a ampla difusão das ferramentas computacionais, da digitalização e compartilhamento de informações, novas ferramentas foram desenvolvidas como resultado de um esforço conjunto para integrar e dispor, nos meios digitais, informações sobre abelhas e biodiversidade. Dados sobre a fauna brasileira passaram a ser disponibilizados em diversas plataformas, gerando informações de maneira automática, atualizadas periodicamente. São exemplos de bases de dados atualmente acessíveis na web: a versão *on-line* do catálogo Moure, a plataforma *specieslink*, a rede de catálogos polínicos (RcPol), a fototeca Cristiano Menezes e os projetos de sistematização de dados webbee[3] e Biota Project. Adicionalmente, uma importante iniciativa da Associação Brasileira de Estudos das Abelhas (A.B.E.L.H.A.) foi responsável pelo desenvolvimento do Sistema de Informação Científica sobre Abelhas Neotropicais. Esse sistema tem como objetivo integrar informações de várias bases de dados – algumas já citadas anteriormente – em apenas um canal, possibilitando o acesso a informações sobre os mais diversos aspectos da biologia das abelhas em poucos cliques.

A disseminação de conteúdo científico de fácil acesso e para todos os tipos de públicos tem papel importante para a conservação das abelhas, especialmente as sociais. Nesse sentido, foram desenvolvidas iniciativas como a Scient & Veritas,[4] uma plataforma de ensino a distância inaugurada em 2015 como demanda de um projeto maranhense voltado para a conservação das abelhas nativas brasileiras. A

3 Disponível em: http://www.webbee.org.br/.

4 Disponível em: https://scienteveritas.com.br/.

distribuição desse tipo de conteúdo, também fortemente influenciada pela popularização do uso das ferramentas digitais sob a forma de cursos de aperfeiçoamento de curta duração, tem proporcionado ao público várias possibilidades. Os criadores, ou aqueles que pretendem iniciar uma criação de abelhas, têm acesso a conteúdos que abordam o manejo consciente, o controle de pragas e a aplicação de boas práticas na extração dos subprodutos. Para os admiradores mais curiosos, o conteúdo possibilita a formação de agentes multiplicadores de princípios conservacionistas, que podem vir a atuar em Organizações Não Governamentais (ONGs) ou entidades afins.

Projetos socioambientais em meliponicultura

Além do setor acadêmico, a participação de outros setores da sociedade em abordagens conservacionistas vem sendo fortalecida ao longo do tempo, muitas das vezes sob a forma de projetos socioambientais que se propõem, entre outras finalidades, a conscientizar a população sobre a importância da polinização para a segurança alimentar e manutenção da biodiversidade vegetal. Esse tipo de abordagem se adequa perfeitamente ao contexto das abelhas, especialmente às sociais, uma vez que essas espécies podem representar, ao mesmo tempo, fonte de renda para comunidades tradicionais e instrumentos para educação ambiental (CORTOPASSI-LAURINO et al., 2006; FREITAS et al., 2007; SÁ; PRATO, 2007).

No Brasil, a meliponicultura continua sendo uma atividade essencialmente informal, cujo desenvolvimento ocorre sem muito conhecimento técnico e padronização nas práticas de

gestão (JAFFÉ et al., 2015). Outro problema, frequentemente levantado pelos criadores, é a descontinuidade dos programas/políticas para o setor. Muitos se sentem inseguros a cada mudança de governo, quando, geralmente, programas iniciados são abandonados e novos são criados (MAGALHÃES; VENTURIERI, 2010). Desse modo, os projetos socioambientais representam alternativas valiosas no auxílio ao desenvolvimento de atividades de criação e manejo racional de colônias, para a extração e comercialização dos subprodutos das abelhas (mel, pólen, cera e própolis) e para a manutenção das populações de espécies polinizadoras de espécies vegetais nativas e cultivadas (DRUMMOND, 2014; VILLAS-BOAS, 2012).

As regiões Norte e Nordeste são as que mais exploram a meliponicultura para a produção do mel, produto muito apreciado, cuja comercialização representa uma fonte de renda alternativa para comunidades rurais (VENTURIERI et al., 2012). No estado do Maranhão, por exemplo, o Projeto Abelhas Nativas desenvolveu um método de tecnologia social identificado como "Meliponicultura Comunitária". O projeto foi implantado em 19 comunidades rurais de baixa renda do Nordeste do Maranhão e, ao longo dos seus mais de dez anos de atividade, acumula importantes conquistas para o desenvolvimento local, adoção de procedimentos e técnicas adaptados para o uso na cadeia produtiva dos subprodutos das abelhas sem ferrão (VILLAS-BOAS, 2012) e, sobretudo, a consolidação da consciência preservacionista dos membros das comunidades parceiras do projeto (DRUMMOND, 2014).

Perspectivas futuras apontam para a ampliação da demanda por colônias, pois os estudos demonstram que a polinização

por abelhas nativas apresenta uma série de vantagens em relação à atividade de *Apis mellifera* (VENTURIERI et al., 2012). A prática da meliponicultura em larga escala, por sua vez, demanda amplo conhecimento da biologia da espécie melífera, capacitação dos criadores para o manejo racional das colônias e a disponibilidade de locais para nidificação, incluído caixas racionais de criação e forrageio (IMPERATRIZ-FONSECA; CONTRERA; KLEINERT, 2004). Portanto, qualquer iniciativa nesse sentido deve envolver também o fortalecimento de projetos de caráter socioambiental e de programas de reflorestamento e restauração ambiental.

Diversidade de abelhas no ambiente urbano

Não há dúvidas de que a intensificação do processo de urbanização das cidades e a fragmentação das áreas verdes influenciam negativamente os índices de diversidade e abundância das abelhas (HAMBLIN; YOUNGSTEADT; FRANK, 2018). Esse processo pode afetar drasticamente a estrutura das redes de interação polinizador-planta, tornando-as menores e menos especializadas (FERREIRA et al., 2020). A homogeneização da biodiversidade é consequência da perda de abelhas especialistas, geralmente do grupo das solitárias, mais susceptíveis às alterações ambientais e relacionadas ao aumento das populações de espécies sociais, mais generalistas (CARDOSO; GONÇALVES, 2018).

Em certas circunstâncias, algumas espécies de abelhas podem se tornar relativamente abundantes em ambientes urbanos, pois são favorecidas pela existência de locais úteis para nidificação. Por exemplo, cavidades em árvores usados

no paisagismo, padrão de energia, além de recursos oriundos de espécies vegetais cultivadas e ausência de espécies competidoras (TAURA; LAROCA, 2001). Sendo assim, faz-se necessário entender como a vegetação de áreas urbanas, sob a forma de fragmentos de mata, parques, jardins, hortas e afins, pode contribuir para a manutenção das populações de abelhas que vivem nesses espaços (AGOSTINI; SAZIMA, 2003). Dados publicados sobre a dinâmica das abelhas em ambientes urbanos mostram que a vegetação dessas áreas apresenta potencial melífero e polinífero (ANTUNES et al., 2012) suficiente para manter certa riqueza de espécies, localmente (SILVEIRA; PEDROSO, 2017). Isso inclui desde as mais generalistas (AGOSTINI; SAZIMA, 2003; TAURA; LAROCA, 2001) até espécies consideradas mais especialistas (AGOSTINI; SAZIMA, 2003), mas não deixa de evidenciar a perda de espécies mais exigentes, características de ambientes de mata preservada (SANTOS; PIGOZZO; NEVES, 2014).

Nesse sentido, conduzir investigações que possibilitam análises comparativas ao longo do tempo é valioso para o conhecimento de quais espécies estão se tornando raras, quais modificações ocorreram em termos de abundância e quais recursos são necessários para a preservação das abelhas silvestres (PAXTON, 1995). As informações obtidas podem subsidiar o desenvolvimento de estratégias para a manutenção e o estímulo da reprodução de populações de abelhas, como os quintais agroecológicos, as hortas urbanas e os corredores ecológicos. Essas estratégias, aliadas à sensibilização da população, podem viabilizar ações coletivas para a preservação da biodiversidade local. Essas ações podem envolver o mapeamento de ninhos e das possíveis

fontes alimentares próximas, estabelecendo a rota pela qual essas abelhas podem transitar, e, portanto, em quais espaços novos plantios devem ser inseridos, ampliando a disponibilidade de alimento (ALVES; CORTOPASSI-LAURINO; IMPERATRIZ-FONSECA, 2017).

Considerações finais

A temática das abelhas suscitou, até então, a elaboração de uma série de textos, artigos e livros sobre os mais diversos aspectos desses organismos, cuja importância vai além da questão ambiental. Entre outros aspectos, a produção acadêmica serve como termômetro e indica o tratamento conferido ao tema, bem como as perspectivas e os avanços alcançados ao longo do tempo. No segundo semestre de 2020, o Brasil registrou números assustadores em termos de desmatamento nos principais biomas do país, além do aumento na incidência de queimadas, ameaça de flexibilização da legislação ambiental e um extenso rol de espécies em risco de extinção, incluindo espécies da apifauna nacional. Tem-se, então, um extenso rol de adversidades a serem mitigadas, mas, por outro lado, contamos com iniciativas conservacionistas bem fundamentadas e que precisam ser ampliadas.

A atuação dos grupos de pesquisa em suas respectivas linhas de trabalho tem proporcionado a expansão do conhecimento sobre os mais diversos aspectos das abelhas, sem os quais a preservação da apifauna brasileira seria impossível. No entanto, é necessário aumentar os investimentos em pesquisa, de modo a corrigir a discrepância observada na atividade acadêmica das instituições localizadas nas

diferentes regiões do Brasil. Ao estimular o interesse dos estudantes para a área da pesquisa e, principalmente, para a formação de mão de obra especializada em áreas de conhecimento chave, como a taxonomia e sistemática concernente a isso, esperamos que este capítulo possa contribuir nesse processo de alguma forma, para que os leitores iniciantes no tema tenham, aqui, um meio de ampliar suas perspectivas, de modo a se tornarem componentes dessa marcha mundial pela proteção das abelhas.

REFERÊNCIAS

AGOSTINI, Kayna; SAZIMA, Marlies. Plantas ornamentais e seus recursos para abelhas no campus da Universidade Estadual de Campinas, Estado de São Paulo, Brasil. **Bragantina**, Campinas, SP, v. 62, n. 3, p. 335-343, ago. 2003.

ALVES, Isabel C.; CORTOPASSI-LAURINO, Marilda; IMPERATRIZ-FONSECA, Vera L. **Biodiversidade em ação:** conservando espécies nativas, corredores ecológicos urbanos... Seguindo a trilha da jataí em São Paulo. São Paulo: A.B.E.L.H.A., 2017.

ANTUNES, Heloisa A. *et al.* Native bees (Apidae: Meliponina) and their floral resources in a part of a forest located in urban areas. **Magistra**, v. 24, n. 1, p. 7-14, jan./mar. 2012.

AOKI, Camila; SIGRIST, Maria R. Inventário dos Visitantes Florais no Complexo Aporé-Sucuriú. *In*: PAGOTTO, Teresa Cristina S.; SOUZA, Paulo Robson de (ed.). **Biodiversidade do Complexo Aporé-Sucuriú:** subsídios à conservação e ao manejo do Cerrado. Campo Grande: Editora UFMS, 2006, p. 145-162.

BOFF, Samuel; ARAUJO, Andréa C.; POTT, Arnildo. Bees (Hymenoptera: Apoidea) and flowers in natural forest patches of southern Pantanal. **Biota Neotropica**, v. 13, n. 4, p. 46-56, out. 2013.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Biodiversidade**. Disponível em: https://www.gov.br/mma/pt-br/assuntos/biodiversidade. Acesso em: 15 jul. 2020.

BRITO, Thaliane de F. *et al.* Historical records of orchid bees (Apidae: Euglossini) in Belém Endemism Center: species list of 92 years sampling. **Brazilian Journal of Biology**, v. 79, n. 2, p. 263-272, abr./jun. 2019.

CARDOSO, Marina C.; GONÇALVES, Rodrigo B. Reduction by half: the impact on bees of 34 years of urbanization. **Urban Ecosystems**, v. 21, n. 5, p. 943-949, jun. 2018.

CORTOPASSI-LAURINO, M. *et al.* Global meliponiculture : challenges and opportunities. **Apidologie**, v. 37, n. 2, p. 275-292, mar. 2006.

DRUMMOND, Frederico O. **Meliponicultura comunitária no estado do Maranhão:** uma experiência de tecnologia social e agricultura familiar na perspectiva do fortalecimento da cadeia da sociobiodiversidade. 2014. Dissertação (Especialização em Economia e Meio Ambiente) − Programa de Educação Continuada em Ciências Agrárias. Universidade Federal do Paraná, 2014.

FERREIRA, Patrícia A. *et al.* Forest and connectivity loss simplify tropical pollination networks. **Oecologia**, v. 192, n. 5, p. 577-590, fev. 2020.

FREITAS, Breno M. *et al.* Diversity, threats and conservation of native bees in the Neotropics. **Apidologie**, v. 40, n. 3, p. 332-346, maio 2009.

FREITAS, Geusa S. de *et al.* Abelhas para a melhor idade: curso de meliponíneos, alfabetização técnica para a conservação. **Biosci. J.**, v. 23, n. 1, p. 82-88, nov. 2007.

GIANNINI, Tereza C. *et al.* Climate change in the Eastern Amazon: crop-pollinator and occurrence-restricted bees are potentially more affected. **Regional Environmental Change**, v. 20, n. 1, fev. 2020.

HAMBLIN, April L.; YOUNGSTEADT, Elsa; FRANK, Steven D. Wild bee abundance declines with urban warming, regardless of floral density. **Urban Ecosystems**, v. 21, n. 3, p. 419-428, 1 jan. 2018.

IMPERATRIZ-FONSECA, Vera L.; CONTRERA, Felipe A. L.; KLEINERT, Astrid de M. P. A Meliponicultura e a iniciativa brasileira dos polinizadores. **Anais** [...]. Natal: Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, 2004.

JAFFÉ, Rodolfo *et al.* Bees for development: Brazilian survey reveals how to optimize stingless beekeeping. **PLoS ONE**, v. 10, n. 3, p. 21, mar. 2015.

KLEINERT, Astrid de M. P.; ETEROVIC, André; SANTOS FILHO, Pérsio de Souza. Por que os levantamentos de abelhas falham quando se trata de entender suas comunidades? *In*: IMPERATRIZ-FONSECA, Vera L. *et al.* (org.). **Polinizadores no Brasil:** contribuição e perspectivas para a biodiversidade, uso sustentável, conservação e serviços ambientais. 1. ed. São Paulo: Edusp, 2012, p. 175-180.

MAGALHÃES, Tatiana L. de; VENTURIERI, Giorgio C. **Aspectos econômicos da criação de abelhas indígenas sem ferrão (Apidae: Meliponini) no Nordeste paraense**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2010.

MARQUES, Antonio C.; LAMAS, Calos José E. Taxonomia zoológica no Brasil: estado da arte, expectativas e sugestões de ações futuras. **Papeis Avulsos de Zoologia**, v. 46, n. 13, p. 139-174, jan. 2006.

MAUÉS, Márcia M. *et al.* A importância dos polinizadores nos biomas brasileiros, conhecimento atual e perspectivas futuras para conservação. *In*: IMPERATRIZ-FONSECA, Vera L. *et al.* (org.). **Polinizadores no Brasil:** contribuição e perspectivas para a biodiversidade, uso sustentável, conservação e serviços ambientais. 1. ed. São Paulo: Edusp, 2012, p. 49-66.

MEINERS, Joan M.; GRISWOLD, Terry L.; CARRIL, Olivia M. Decades of native bee biodiversity surveys at Pinnacles National Park highlight the importance of monitoring natural areas over time. **PLoS ONE**, v. 14, n. 1, p. 7, jan. 2019.

MOTTA E ALBUQUERQUE, Eduardo da *et al.* A Distribuição Espacial da Produção Científica e Tecnológica Brasileira: uma Descrição de Estatísticas de Produção Local de Patentes e Artigos Científicos. **Revista Brasileira de Inovação**, v. 1, n. 2, p. 225-252, jul./dez. 2002.

MOURE, Jesus S.; URBAN, Danúncia; MELO, Gabriel A. R. **Catalogue of the bees (Hymenoptera, Apoidea) in the Neotropical region**. 1. ed. Curitiba: Sociedade Brasileira de Entomologia, 2007.

OLIVEIRA, Favízia F. de *et al.* Impedimento taxonômico no Brasil e o desenvolvimento de ferramentas auxiliares para identificação de espécies. *In*: IMPERATRIZ-FONSECA, Vera L. *et al.* (org.). **Polinizadores no Brasil:** contribuição e perspectivas para a biodiversidade, uso sustentável, conservação e serviços ambientais. 1. ed. São Paulo: Edusp, 2012, p. 273-300.

OLIVEIRA, Favísia F. de *et al.* **Guia ilustrado das abelhas "sem-ferrão" das reservas Amanã e Mamirauá, Amazonas, Brasil (Hymenoptera, Apidae, Meliponini)**. 1. ed. Tefé, AM: IDSM, 2013.

PINHEIRO-MACHADO, Cynthia *et al.* Brazilian bee surveys: state of knowledge, conservation and sustainable use. *In*: KEVAN, Peter G.; IMPERATRIZ-FONSECA, Vera L. (org.). **Pollinating Bees:** the conservation link between agriculture and nature. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 2002, p. 115-129.

REBÊLO, José Manuel M.; RÊGO, Márcia Maria C.; ALBUQUERQUE, Patrícia Maia C. de. Distribuição, uso e conservação de abelhas – Hymenoptera, Apidae – na Amazônia maranhense. *In*: MARTINS, Marlúcia B.; OLIVEIRA, Tadeu G. de (ed.). **Amazônia Maranhense:** diversidade e conservação. Belém: MPEG, 2011, p. 179-194.

SÁ, Natália de P.; PRATO, Mauro. Conhecendo as abelhas: um projeto de ensino. **Biosci. J**., v. 23, n. 1, p. 107-110, nov. 2007.

SANTOS, Rafaela L. da S.; PIGOZZO, Camila M.; NEVES, Edinaldo L. das. Riqueza e abundância de abelhas (hymenoptera, apidae, apinae, euglossini) em um remanescente urbano de Mata Atlântica do Município de Salvador, Bahia, Brasil. **Candombá**, v. 10, n. 1, p. 81-92, jan./dez. 2014.

SILVEIRA, Fausto; PEDROSO, Everton. A urbanização de Morrinhos (Goiás) e seus impactos na conservação de abelhas. *In*: CALIXTO, Eduardo S.; SILINGARDI, Helena M. T. (ed.). Temas atuais em ecologia comportamental e interações. **Anais** [...]. Uberlândia, MG: Editora Composer, 2017, p. 22-30.

TAURA, Hilda M.; LAROCA, Sebastião. A associação de abelhas silvestres de um biótopo urbano de Curitiba (Brasil), com comparações espaço-temporais: abundância relativa, fenologia, diversidade e exploração de recursos (Hymenoptera, Apoidea). **Acta Biológica Paranaense**, v. 30, n. 1-4, p. 35-137, 2001.

VENTURIERI, Giorgio C. *et al.* **Meliponicultura no Brasil:** situação atual e perspectivas futuras. São Paulo: Edusp, 2012.

VILLAS-BOAS, Jerônimo. **Manual Tecnológico:** mel de abelhas sem ferrão. Brasília, DF: Instituto Sociedade, População e Natureza (ISPN), 2012.

ZANELLA, Fernando C. V. The bees of the Caatinga (Hymenoptera, Apoidea, Apiformes): a species list and comparative notes regarding their distribution. **Apidologie**, v. 31, n. 5, p. 579-592, set./out. 2000.

SOBRE OS(AS) AUTORES(AS)

Adelson Lemes da Silva Júnior

Licenciado em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG). Mestre e doutorando em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal do Espírito Santo (UFES). Atua em pesquisas com ênfase em genética molecular vegetal aplicada ao uso de marcadores moleculares de DNA. E-mail: adelsonlemes@yahoo.com.br.

Alessandro Marques de Oliveira

Bacharel em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Mato Grosso do Sul (UFMS), mestre em Geologia Regional pela Universidade Estadual Paulista (Unesp) e doutor em Evolução e Diversidade pela Universidade Federal do ABC (UFABC). É experiente em paleontologia e evolução, atuando principalmente nos temas: paleontologia de vertebrados, quaternário, tafonomia, morfologia funcional e ecomorfologia. Atualmente, é professor de geologia, paleontologia e biogeografia da Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG), unidade Carangola. É bolsista do Programa de Bolsas em Produtividade em Pesquisa (PQ – UEMG), vinculado ao Edital 02/2022. E-mail: alessandro.oliveira@uemg.br.

Andreia Magro Moraes

Licenciada em Ciências Biológicas e Especialista em Educação Ambiental pela Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG). Mestre e doutora em Ecologia e Recursos Naturais pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Completou estágio pós-doutoral em Ecologia e Biodiversidade na Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (Unesp). Atualmente, é colaboradora da Associação Mico-Leão-Dourado (AMLD) e professora da Universidade do Estado de Minas Gerais, unidade Carangola, na qual é lotada no Departamento de Ciências Biológicas.

Cristiane Marques Santos

Mestre em Entomologia pela Universidade Federal de Viçosa (UFV) e graduada em Ciências Biológicas. Professora do Instituto Federal do Pará – Campus Marabá Industrial. Atua na educação básica e no ensino superior. Desenvolve pesquisas na área de monitoramento da qualidade ambiental.

Francis Julio Fagundes Lopes

Francis Julio Fagundes Lopes é biólogo e mestre em Microbiologia Agrícola (Genética de Microrganismos) pela Universidade Federal de Viçosa (UFV). Doutor em Ciências Agrárias (Fisiologia Vegetal) pela UFV/Instituto Max-Planck para Fisiologia de Plantas (Golm, Alemanha). Atualmente, é professor da área de Fisiologia Vegetal na Universidade Federal de Goiás (Campus 2, Goiânia) junto ao Instituto de Ciências Biológicas. E-mail: fagundes@ufg.br.

Jheniffer Abeldt Christ

É bióloga e mestre em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) e doutoranda em Ciências Biológicas (Botânica) pela Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ). E-mail: jhenifferabeldt@gmail.com.

Livia Cristina da Silva

É engenheira agrônoma, mestre e doutora em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Goiás (UFG). E-mail: liviacristy@gmail.com.

Marciane da Silva Oliveira

É bióloga e mestre em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), doutora em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Lavras (UFLA). Realizou estágio pós-doutoral em Genética e Melhoramento pela UFV. Atualmente, é professora na área de genética e evolução na Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG). É bolsista do Programa de Bolsas

em Produtividade em Pesquisa (PQ – UEMG), vinculado aos editais 01/2021 e 10/2022. E-mail: marciane.oliveira@uemg.br.

Marlene Moreira

É bióloga, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Goiás (UFG) e doutoranda em Ciências Biológicas (Biotecnologia) pelo Centro de Investigación Científica de Yucatán (México). E-mail: marlene_biotec@hotmail.com.

Patrícia Marques Santos

Doutoranda pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), mestre em Biodiversidade e Conservação pela Universidade Federal do Maranhão (UFAM) e graduada em Ciências Biológicas. Atua na área de ecologia de comunidades, biodiversidade e fragmentação da paisagem.

Renan Nunes Costa

Doutor em Ecologia e Conservação da Biodiversidade pela Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC), mestre em Ecologia e Evolução pela Universidade Federal de Goiás (UFG) e licenciado em Ciências Biológicas pela Faculdade de Caldas Novas (Unicaldas). Atualmente, é professor efetivo da Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG), unidade Carangola, na qual é vinculado ao Departamento de Ciências Biológicas. É bolsista do Programa de Bolsas em Produtividade em Pesquisa (PQ – UEMG), vinculado aos editais 08/2021 e 10/2022. E-mail: renan.costa@uemg.br.

Ríudo de Paiva Ferreira

Doutor e mestre em Biologia Celular e Estrutural pela Universidade Federal de Viçosa (UFV) e graduado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP). Desenvolve pesquisas

relacionadas a biologia, genética e morfologia de abelhas brasileiras desde 2005. E-mail: riudo.ferreira@uemg.br.

Rodrigo de Mello

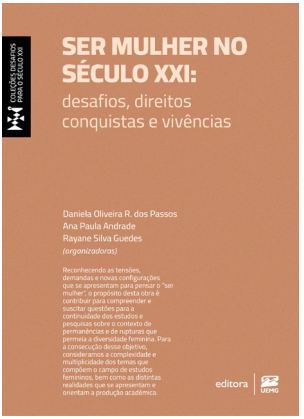
Licenciado em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual de Maringá (UEM) e mestre em Ciências Ambientais pelo Programa de Pós-Graduação em Ecologia de Ambientes Aquáticos Continentais pela mesma instituição. Doutor em Ecologia e Evolução pela Universidade Federal de Goiás (UFG). É professor colaborador da Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG), na qual ministra disciplinas de ecologia e educação ambiental. E-mail: rdmellobr@gmail.com.

Wellington Ronildo Clarindo

Bacharel e licenciado em Ciências Biológicas, mestre e doutor em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), na qual também realizou estágio pós-doutoral. É docente do Departamento de Biologia Geral da UFV e orientador nos Programas de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (UFV) e em Genética e Melhoramento (no *campus* de Alegre da Universidade Federal do Espírito Santo). Atua no ensino de disciplinas da área da genética e desenvolve pesquisas com os temas citogenética, cultura de células e tecidos vegetais e mutagênese. E-mail: well.clarindo@ufv.br.

Este livro foi produzido pela Editora da Universidade do Estado de Minas Gerais (EdUEMG) em setembro de 2023. O texto foi composto em Cairo, desenvolvida por Mohamed Gaber, e Noto Sans, por Google. Para obter mais informações sobre outros títulos da EdUEMG, visite o *site*: editora.uemg.br.

Confira outros títulos das coleções
Desafios para o Século XXI

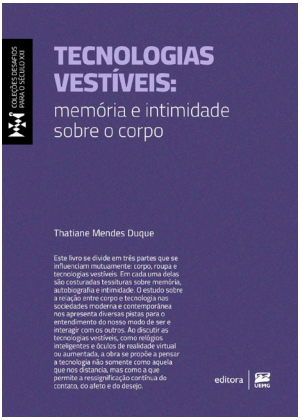


Ser mulher no século XXI: desafios, direitos, conquistas e vivências

Organizadoras:
Daniela Oliveira R. dos Passos
Ana Paula Andrade
Rayane Silva Guedes

Acesse em: editora.uemg.br/catalogo

Reconhecendo as tensões, demandas e novas configurações que se apresentam para pensar o “ser mulher”, pesquisadoras de diferentes horizontes epistêmicos se reuniram nesta coletânea para alcançar, a partir de suas trajetórias individuais e estudos desenvolvidos, uma obra plural e convergente com a temática.



Tecnologias Vestíveis: memória e intimidade sobre o corpo

Autora:
Thatiane Mendes Duque

Acesse em: editora.uemg.br/catalogo

Este livro se divide em três partes que se influenciam mutuamente: corpo, roupa e tecnologias vestíveis. Em cada uma delas são costuradas tessituras sobre memória, autobiografia e intimidade. Ao discutir as tecnologias vestíveis, como relógios inteligentes e óculos de realidade virtual ou aumentada, a obra se propõe a pensar a tecnologia não somente como aquela que nos distancia, mas como a que permite a ressignificação contínua do contato, do afeto e do desejo.